



TITLE:

口蹄疫災害における危機管理システムに関する研究(Dissertation_全文)

AUTHOR(S):

阿部, 真育

CITATION:

阿部, 真育. 口蹄疫災害における危機管理システムに関する研究. 京都大学, 2014, 博士(工学)

ISSUE DATE:

2014-03-24

URL:

<https://doi.org/10.14989/doctor.k18252>

RIGHT:

許諾条件により本文は2015-03-24に公開

口蹄疫災害における
危機管理システムに関する研究

阿部真育

2014年

目次

第1章 序論	1
1.1 はじめに	1
1.2 人獣共通感染症に対するリスクマネジメント	2
1.3 感染症としての口蹄疫	3
1.4 口蹄疫リスクに対する意思決定支援システム	5
1.5 口蹄疫リスクにおける土木計画的課題	5
1.6 本論文の基本構成	7
参考文献	9
第2章 本研究の基本的枠組み	11
2.1 口蹄疫の地域リスクマネジメント	11
2.1.1 感染症のリスクマネジメント	11
2.1.2 リスク対策と合意形成	12
2.1.3 セットアップ費用と転用可能性	13
2.2 各国における口蹄疫の防疫計画	14
2.2.1 我が国における口蹄疫の防疫計画	14
2.2.2 各国における口蹄疫の防疫計画	15
2.2.3 口蹄疫の地域防疫計画	17
2.3 本研究の基本的枠組み	18
2.3.1 感染症の伝染モデリング	18
2.3.2 口蹄疫の地域防疫計画におけるリスクモデリングの役割	19
2.3.3 殺処分の地域キャパシティ概念	21
2.3.4 既往研究における本研究の位置づけ	22
参考文献	24

第3章 口蹄疫の空間伝染モデル	27
3.1 緒言	27
3.2 空間伝染モデルの基本的な考え方	28
3.2.1 口蹄疫サンプルの発生過程	28
3.3 空間伝染モデル	30
3.3.1 モデル化の前提条件	30
3.3.2 モデル化	31
3.3.3 マルコフ連鎖モデル	34
3.4 口蹄疫の観測過程	35
3.4.1 データの観察可能性	35
3.4.2 完備情報下における観察過程	36
3.4.3 不完備情報下における観測過程	37
3.5 感染確率の推計方法	43
3.5.1 不完備情報下における推計課題	43
3.5.2 完備化操作	44
3.5.3 全条件付き事後分布	45
3.5.4 パラメータの事前分布	47
3.5.5 ギブスサンプリング	48
3.5.6 事後分布に関する統計量	51
3.6 ケーススタディ	54
3.6.1 適用事例	54
3.6.2 推計結果	56
3.6.3 分析結果の考察	57
3.6.4 伝染リスク評価への適用	57
参考文献	60
第4章 口蹄疫の最適伝染リスク抑止モデル	64
4.1 緒言	64
4.2 最適伝染リスク抑止モデルの基本的な考え方	65
4.2.1 従来の研究概要	65
4.2.2 口蹄疫の伝染リスク評価	66

4.2.3	本章の位置づけ	67
4.3	最適伝染リスク抑止モデル	69
4.3.1	モデルの概要	69
4.3.2	初期対応準備期間	71
4.3.3	計画的対応期間	73
4.3.4	最適伝染リスク抑止モデルの定式化	77
4.4	モデルの解法	79
4.4.1	基本方針	79
4.4.2	解法	81
4.4.3	リスクマネジメント指標	83
4.5	適用事例	86
4.5.1	適用事例の概要	86
4.5.2	空間伝染モデルの推計結果	87
4.5.3	分析結果の考察	88
4.5.4	感度分析	94
4.5.5	分析精度の検討	98
参考文献		100
第5章 口蹄疫災害危機管理のためのマルコフネットワークモデル		105
5.1	緒言	105
5.2	口蹄疫災害危機管理のためのマルコフネットワークモデルの基本的な考え方	106
5.2.1	従来の研究概要	106
5.2.2	マルコフネットワークモデル	109
5.2.3	モデルの基本的構成	110
5.3	殺処分工程モデル	112
5.3.1	モデルの概要	112
5.3.2	PERTネットワーク	112
5.3.3	遅延によるネットワーク更新	114
5.4	口蹄疫伝染モデル	116
5.4.1	モデルの概要	116

5.4.2	初期対応準備期間	117
5.4.3	計画的対応期間	119
5.5	最適資源配分モデル	122
5.5.1	遅延を考慮した伝染・抑止過程	122
5.5.2	モデルの定式化	124
5.5.3	解法	126
5.6	危機管理モデル	127
5.6.1	危機管理ルール	127
5.6.2	救援要請曲線	129
5.7	適用事例	132
5.7.1	適用事例の概要	132
5.7.2	最適戦略の検討	133
5.7.3	分析結果の考察	134
参考文献		140
第6章 結論		144
6.1	本研究の成果	144
6.2	今後の展望と課題	145
参考文献		148

第1章 序論

1.1 はじめに

近年，新型インフルエンザ(H1N1)やSARS(重症急性呼吸器症候群)の世界的な流行に伴い，感染症に対する人々の危機意識の向上が認められる．これらの危機意識の向上は，1)ひとたび発生して拡大すれば個人の健康のみならず社会全体に深刻な影響を及ぼす恐れがあり日頃からの発生状況の把握と的確な流行状況の予測に努める必要があること，2)ひとたび感染症が発生した場合の適切な初期対応が拡大防止の第一要件であること，3)起因病原体の感染性・感染経路・重症度等が感染症毎に特異であること，といった感染症に対する共通認識が一般的に根付いてきたことが大いに関係している．現在，感染症の発生規模の違いに対してエンデミック，エピソード，パンデミックといった定義が存在し，エンデミックは，地域的に狭い範囲に限定され，患者数も比較的少なく拡大のスピードも比較的遅い状態を指すのに対し，エピソードは，感染範囲や患者数の規模が拡大するアウトブレイクの状態を指している．さらにパンデミックは，エピソードよりさらに流行の規模が広がり，複数の国や地域に亘ってさらに多くの患者が発生する状態を指している．複数の国や地域が関係することから，パンデミックに対しては，図-1.1に示すように，人への感染リスクごとに警報フェーズがWHO(世界保健機関)により定められており，これらフェーズの公表により，専門家と一般人との間で感染拡大状況の共有化が図られている．

しかしながらこのような対策下においても，感染症の被害は終息する様相を見せておらず，病原性ウイルスの突然変異発生率の上昇や薬剤耐性菌感染症の登場のために，常に対応策の更新が求められている状況である．なお，ウエストナイル熱やSARSなどに代表される，現状において人々の関心が高い感染症の多くは動物に由来すると言われており，今後，病原性ウイルスの突然変異などによってヒト→ヒト感染確率が高まる可能性が懸念されている．そのような状況を受けて，人獣共通感染症への対応策に関する知見集積が現在大いに求められている．

フェーズ		状況
1	<u>パンデミック間期</u>	ヒト感染のリスクは低い
2	動物間に新しい亜型ウイルスが存在するが、ヒト感染はない	ヒト感染のリスクはより高い
3	<u>パンデミックアラート期</u> 新しい亜型ウイルスによるヒト感染発生	ヒト-ヒト感染は無いが、または極めて限定されている
4		ヒト-ヒト感染が増加していることの証拠がある
5		かなりの数のヒト-ヒト感染があることの証拠がある
6	<u>パンデミック期</u>	効率よく持続したヒト-ヒト感染が確立

図-1.1 WHOによって公表されているインフルエンザの警報フェーズ(感染症情報センターのHP
(<http://idsc.nih.go.jp/disease/influenza/05pandemic/0511phase.html>)より筆者が作成)

1.2 人獣共通感染症に対するリスクマネジメント

WHOは、「自然の状態で、ヒトと脊椎動物の間で伝播する疾病あるいは感染症」と人獣共通感染症を定義しており¹⁾、この定義は一般的な人獣共通感染症の定義として用いられている。しかしながら、熱帯熱マラリアなどにおいては、ヒト以外の脊椎動物を介してヒトに感染するものと直接ヒトに感染するものの2種が存在し、同類の感染症においても人獣共通感染症のものとそうでないものとが混在する。そのような混乱を避けるため、欧州経済共同体では、「動物からヒトへ自然に伝播すると思われるいかなる疾病あるいは感染症」と人獣共通感染症はWHOの定義よりも広い範囲で定義されている²⁾。人獣共通感染症はその症状などから大きく3つの危険度(群)に区別されており、ヒトと動物の両方にとって症状が重いもの(I群)、動物では症状が重いがヒトは症状が軽いもの(II群)、動物は症状が軽いかあるいは無症状であるがヒトは症状が重いかあるいは死に到る可能性が高いもの(III群)、の3つが存在する。危険度I群に属する感染症は経済損失と公衆衛生の双方に影響を及ぼす。これに対し、II群は主に経済損失、III群は主に公衆衛生に対して甚大な被

害を生じる³⁾。本研究で対象とする口蹄疫はⅡ群に属し，偶蹄類に対して短期間に感染が広い地域に及び，対応策としては殺処分しか存在しないため長期間にわたり畜産の生産性低下を招く。さらに，ヒトへの感染事例も過去に存在するため非常に対策重要度の高い人獣共通感染症の1つとして，家畜伝染病予防法の取り締まり対象となっている。

危険度の指標として経済損失が大きな位置を占めるようになった背景として，Otte and Chilonda⁴⁾は，1)大部分の先進国においては社会経済への影響が重大な感染症は既に制圧下におかれており残された感染症は経済への影響が明らかではないこと，2)グローバル化に伴い畜産製品の自給率が下がったことで国内の防疫対策の優先度がこれまでほど高くなかったこと，3)経済発展に伴う一次産業の衰退により疾病対策への公的資金配分に関して他産業との競争が激しくなっていること，4)疾病コントロールの責任が官から民へと委譲されるに伴い疾病対策への投資に収益性が求められるようになってきたこと，の4点を指摘しており，経済性第1の家畜の飼育方法設定なども急激な感染拡大に寄与している可能性が懸念されている。しかしながら，現状の経営形態を急に変更することは現実的には不可能なため，ひとたび家畜伝染病が発生した際に，正確なリスク予測を行い，いかに効果的な策を投じて、経済損失を低くするかが非常に重要な課題となっている。

1.3 感染症としての口蹄疫

口蹄疫は，口蹄疫ウイルスの空気感染によって起こる急性熱性伝染病で，牛，めん羊，山羊，豚等の家畜を始め，ほとんどの偶蹄類動物が感染する家畜伝染病である。本病は，極めて伝染力が強く，発病に伴う発育障害，運動障害及び泌乳障害により，莫大な経済的被害をもたらす。流行時には，国あるいは地域ごとに家畜，畜産物等に厳しい移動制限が課され，国際流通にも大きな影響を及ぼすこととなることから，国際的にも最も警戒すべき家畜の伝染性疾病の1つとして，その制圧と感染拡大防止が図られている⁵⁾。国際的に最も注意すべき疾病として認識され，家畜衛生に関する国際機関である国際獣疫事務局（OIE）によって最も重要度の高いリストA疾病の筆頭に規定されている。

図-1.2は，農林水産省が公開する，2012年6月20日時点の口蹄疫の発生状況を表す。日本では，近年では2000年に宮崎県と北海道にて，2010年に宮崎県にて二度発生し

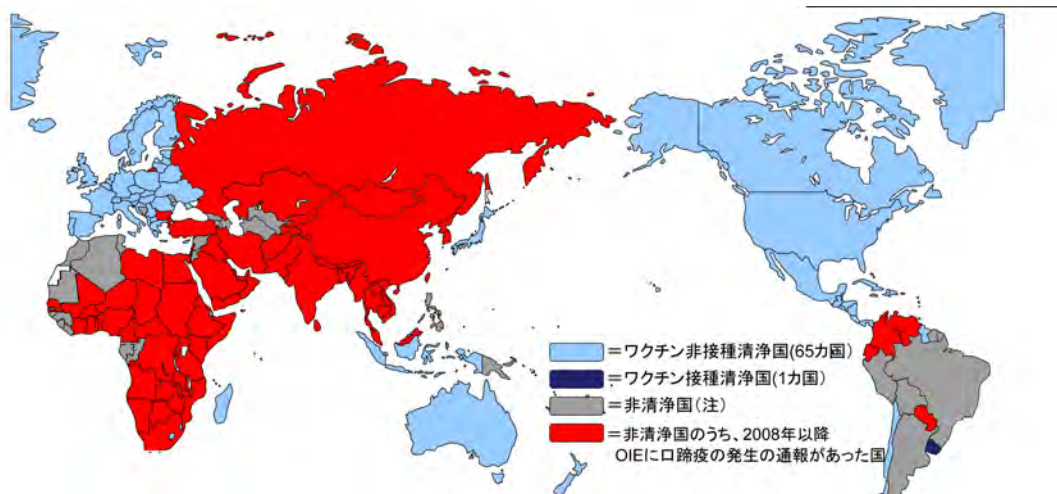


図-1.2 口蹄疫の発生状況(2012年6月20日時点)

農林水産省HPより引用

ているが、それぞれの年の5月10日、8月27日に清浄性が確認されて、口蹄疫終息宣言が出されている。口蹄疫が発生し、国際獣疫事務局(OIE)から、家畜伝染病が発生した非清浄国と認定された場合、発生国からの偶蹄類の動物および偶蹄類の動物由来の畜産物等の輸出は、輸入国により大きく制限される。このことから、畜産・酪農業の関連製品の輸出を行っている国にとって、口蹄疫の発生は、単に口蹄疫の感染家畜殺処分に伴う被害だけでなく、輸出禁止に伴う長期的な経済被害が発生する。OIEの国際家畜衛生規約によれば、口蹄疫の正常国への復帰条件はワクチン接種の有無によって異なる。ワクチン接種を実施しない場合、発生農場の家畜全頭の殺処分(スタンピング・アウト)及び血清学的サーベイランスが実施された場合には、最終発生から3ヶ月が経過することが規定されている。また、ワクチンを接種した場合には、全てのワクチン接種動物を殺処分して3ヶ月が経過すること、またはワクチン接種中止及び最終発生から12ヶ月が経過することが規定されている。2000年に宮崎、北海道で発生した場合には、ワクチン接種処置は実施されておらず、2010年の宮崎県の事例においては、ワクチン接種家畜についても全頭の殺処分が実施された。そのため、禁輸措置は、殺処分完了後からおおよそ三ヶ月で解除されるに至っている。このような禁輸措置に伴う経済被害を軽減するためにも、迅速な殺処分の完了措置が求められる。

1.4 口蹄疫リスクに対する意思決定支援システム

口蹄疫は世界規模で社会・経済的リスクの高い感染症として認知されており，そのような状況を受けて，OIEは，感染症による被害を最小限に抑えるためには，人獣共通感染症のリスクマネジメントを目的とした意思決定支援システムの開発が，喫緊の課題である，と述べている⁶⁾．しかしながら，感染予測モデルに関する研究に比べ，意思決定支援を目的としたリスクマネジメントシステムに関する研究はほとんどなく，その中でも時空間を考慮したリスクマネジメントシステムとなると，さらに数は少なくなり，現状においては，Sansonらが開発したEpiMAN⁷⁾(Epidemiological information MANagement system)と呼ばれる意思決定支援ツールが唯一のシステムと言える．このシステムは，ある時点に，ある農場において口蹄疫の症状が見られた場合，農場経営形態（Intensive型かExtensive型かのいずれか）に依存した形で，農場内の未感染家畜が何日後に感染するかを確定的に与え，大気へのウイルス放出量や副生産物（ミルクなど）へのウイルス含有量やキャリアの生成数などを算出する．それらの結果に，農場位置や風向などの気象条件を情報として付加することで，大気を介したウイルスの伝搬を空間的に把握する^{8)–10)}．EpiMANは，意思決定を行う上での，空間的な感染リスク把握の点で大きな貢献ももたらしたが，インプットデータのほとんどが確定的に与えられるため，汎用性の高いシステムとはいえない．また，潜在的な感染リスクまでは考慮できないといった問題点も指摘されている¹¹⁾．さらに，EpiMANによるアウトプットの利用者には，病性診断班や事前調査班といった実働部隊のみを想定しており，農場経営者との事前の合意形成や重機や防疫資材などの備蓄資源の必要性についても言及されていない．そのような課題が存在し，さらに，2002年にOIEが意思決定支援システムの重要性を説いたにもかかわらず，意思決定支援システムの研究は2002年以降進んでいない状況である．

1.5 口蹄疫リスクにおける土木計画的課題

土木計画学の分野では，若干の研究事例¹²⁾を除いて，感染症の社会・経済的リスクに関する研究の蓄積が乏しい．感染症の流行・拡大は，自然災害と同様に，短期間のうちに膨大な資産が喪失したり，不特定多数の人間が健康を損ねたり人命を損失する危険性が存在するカタストロフリスクである．政府や地方自治体等，関係機関による対応が不十分であれば，感染症による社会・経済的被害が拡大するという

人的，制度的リスクが介在する．感染症の伝染リスクを抑制するためには，まずワクチン接種，感染症発生のモニタリング，感染した家畜や患者に対する対応といった疫学的政策が重要な役割を果たす．しかし，このような疫学的政策を実施するためには，人や家畜の移動制限，必要なモニタリング機器，医薬品の調達や運送，人的資源の確保と配置，患畜や疑似患畜の隔離や殺処分，患者の搬送・隔離等，疫学的政策の実施を支援するための行政的措置が不可避である．行政的措置を効率的に実施するためには，あらかじめ感染症の伝染・流行抑制のために移動・交通制限や必要な物資調達のための対策計画を事前の策定しておくことが必要であり，土木計画学の分野における研究成果の蓄積が必要である．

感染症の流行が危惧されても，社会・経済システムを完全に機能停止させる必要があるわけではない．とりわけ，移動や活動の制限等，流行時における社会経済活動の抑制政策の実施は，多大な社会・経済的損失をもたらすため，慎重な対応が必要となる．通常，感染症の発生・伝染の空間範囲や拡大速度や，感染症の伝染強度と対応して，段階的な疫学的対応策が講じられる．感染症の発生・伝染が確認されれば，感染症の伝染・流行状態を常にモニタリングを実施するとともに，疫学的措置の望ましいタイミングと空間範囲，疫学的措置の内容に關して的確な実施範囲を決定することが重要な課題となる．しかしながら，現実には，感染症の発生を確認したり初動体制を構築するまでに，一定程度の時間が必要となる場合が少なくない．不幸にして，感染地域の空間範囲が広域化した場合，感染症拡大の抑制措置に必要な人材や資材の調達に限界が発生し，さらに感染範囲を拡大する結果となる可能性がある．感染症の伝染・拡大リスクを抑制するために，1) 初期段階における対応速度や，2) 人材や資材の調達能力が重要な政策変数となる．したがって，感染症による災害リスクを効率的に抑制するためには，これらの政策変数の内容に關して，実現可能であり，かつ感染症の流行により発生する期待被害額の低減に資するようなシナリオを準備しておく必要がある．

本研究で対象とする口蹄疫は非常に感染性の強い感染症である．しかし，偶蹄類に属する家畜の感染症であるため，患畜・疑似患畜の移動制限や予防的殺処分対策を講じることにより，感染症の伝播・拡大を抑制することが可能である．このような観点から，広域レベルにおいて口蹄疫の抑止計画を事前に策定しておくことが必要となるが，そのためには，1) 口蹄疫の感染リスクを記述するための空間伝染モデルの作成，2) 資源制約の下で，期待被害額を最小にするような最適抑止政策(予

防的殺処分政策)の決定, 3)最適抑止政策を実行するための資源調達計画の作成を支援するような方法論を開発することが必要である。しかしながら, 感染症リスクの地域マネジメント方策に関する研究は緒についたばかりであり, ほとんど研究の蓄積がないのが実情である。

1.6 本論文の基本構成

本研究では, 以上で言及したような感染症リスクマネジメントのための方法論を開発することを目的とする。本論文の構成を図-1.3に表す。第二章では, 口蹄疫の地域防疫計画の策定という観点から, リスクマネジメントの重要性を指摘すると同時に, 本研究の基本的枠組みを示す。第三章では, 口蹄疫の時空間伝染過程をマルコフ連鎖過程で表現するモデルを提案する。

さらに, 2010年に宮崎県で発生した口蹄疫被害のデータを用いてパラメータを推計する方法論を提案する。口蹄疫に関するデータには, 各農場の発症状態は観察することが出来るものの, 感染状態を観察することが出来ないという部分的観測可能性の問題が内在している。第三章では, マルコフ連鎖モンテカルロ(MCMC)法を用いて, 本問題を解決し, 感染パラメータを推計するための方法論を提案する。次に, 第四章では, 口蹄疫のリスク評価の枠組みを提案する。感染症リスクを評価する場合には, 感染症の感染過程が, 時空間を考慮した感染過程であることを考慮しなければならない。

このような観点から, 1)被害額, 2)殺処分頭数, 3)発生期間長, 4)空間的範囲という四種類のリスク評価軸を提案する。さらに, 予防的殺処分実施範囲や初期対応準備に掛かる時間がそれらリスク評価軸にどのように影響を与えるかを分析し, 最適な抑止戦略の提案を行う。一方, 第五章では, 地域リスクマネジメントを実施するにあたり, 県を市町村のコーディネーション主体として捉え, 口蹄疫リスクの程度を決定づける地域キャパシティ概念について, 人員・資材, 殺処分家畜の輸送手段, 埋没地整備のための重機器, 埋没地という四つの観点から地域キャパシティが概念を具体的に実装すると共に, 県のリスクマネジメントという観点からPERTネットワーク手法を用いて地域防疫計画の有効性について, 定量的に評価する枠組みを提案する。なお, 口蹄疫の伝染モデルは第三章で導出したパラメータ推計結果を用いると共に, 第四章で示したリスク評価枠組みを用いて地域キャパシティを

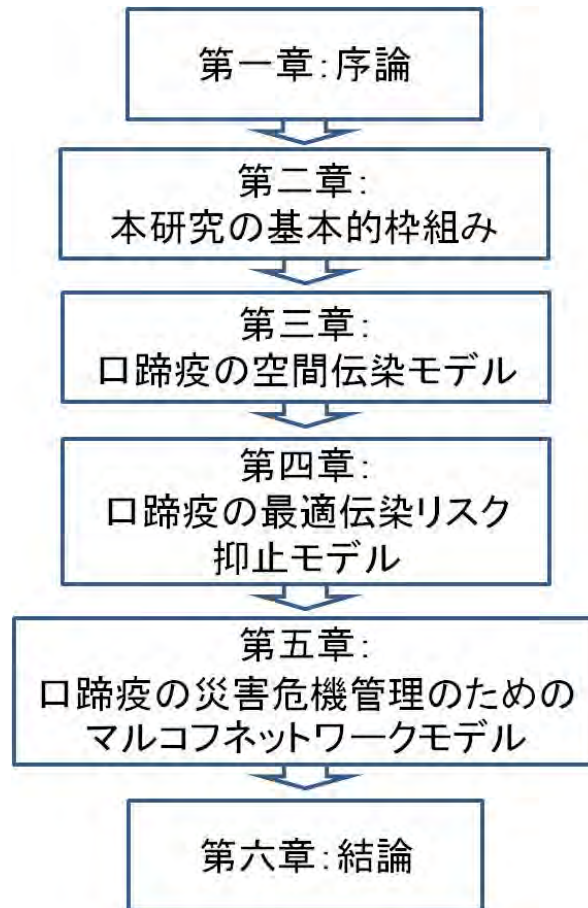


図-1.3 本論文の基本構成

評価する．最後に，第六章の結論において，本研究で得られた知見をまとめ，今後の研究の展開について述べる．

参考文献

- 1) World Health Organization: Zoonoses, Second report of the Joint WHO/FAO Expert Committee, 1959.
- 2) European Union: Zoonoses Directive. Council Directive 92/117/EEC.
- 3) 食品安全委員会:畜産物等食品を由来とする人獣共通感染症の発生に係る緊急事態に備えた食品の安全性の確保に関する調査, 2005
- 4) Otte, M.J. and Chilonda, P.: Animal health economics, Technical report, FAO, 2000, (<ftp://ftp.fao.org/docrep/fao/010/ag275e/ag275e.pdf>)
- 5) 農林水産省:口蹄疫に関する特定家畜伝染病防疫指針, 平成16年.
- 6) Sein, C. Z. : Risk analysis: a decision support tool for the control and prevention of animal diseases, *Compendium of technical items presented to the international committee or to regional commissions 2001-2002*, pp.251-271, 2003
- 7) Sanson, R.L., Liberona, H. and Morris, R.S.:The use of a geographical information system in the management of a foot-and-mouth disease epidemic, *Preventive Veterinary Medicine*, Vol.11, pp.309-313, 1991.
- 8) Sanson, R.L. and Thornton, R.N. :A modelling approach to the quantification of the benefits of a national surveillance programme, *Preventive Veterinary Medicine*, Vol.30, pp.37-47, 1997.
- 9) Sanson, R.L., Morris, R.S. and Stern, M.W. :EpiMAN-FMD: a decision support system for managing epidemics of vesicular disease, *Rev. sci. tech. Off. int. Epiz.*, Vol.18, pp.593-605, 1999.
- 10) Morris, R.S., Sanson, R.L., Stern, M.W., Stevenson, M. and Wilesmith, J.W.: Decision-support tools for foot and mouth disease control , *Rev. sci. tech. Off. int. Epiz.*, Vol.21, pp.557-567, 2002.
- 11) McKenzie, J.S., Morris, R.S., Pfeiffer, D.U., and Dymond, J.R.: Application of Remote Sensing to Enhance the Control of Wildlife-Associated Mycobacterium bovis Infection , *Photogrammetric Engineering & Remote Sensing*, Vol.68, pp.153-159, 2002.

- 12) 江島啓介, 鈴木秀幸, 合原一幸: パーソントリップ調査データに基づくインフルエンザ感染伝播の数理モデリング, 土木計画学研究発表会・講演集, Vol.41, CD-ROM, 2010.

第2章 本研究の基本的枠組み

2.1 口蹄疫の地域リスクマネジメント

2.1.1 感染症のリスクマネジメント

近年，SARSや鳥インフルエンザ，豚インフルエンザや口蹄疫など，感染症の中でもある特定地域において爆発的に感染が拡大し，人や家畜が感染して地域社会に甚大な被害をもたらす事例が多く発生している．一般に，これらの感染症は，発生確率は非常に小さいものの，一旦感染が拡大すればその人的・経済的被害は甚大になることから，地域が抱えるカタストロフリスクとして位置づけられる．本来このようなカタストロフリスクに対しては，各個人や各農場のみで対応することが困難なことから，個人／農場間が協調したり，行政と個人／農場が役割分担しながら，リスク対策を講じることが望ましい．本稿で対象とする口蹄疫感染症も，その発生確率は非常に小さいものの，一旦感染が拡大してしまえば，地域の産業基盤である畜産・酪農業を破壊的状况に追い込むことから，農場間だけでなく，行政とも連携しながら地域が潜在的に抱える口蹄疫リスクに対して，リスクの回避／軽減策に取り組むことが望ましい．

亀井¹⁾や山口²⁾は，災害リスクマネジメントの手段をリスクコントロールとリスクファイナンスに分類している．リスクコントロールは損失の回避，軽減方策に分類される．一方で，リスクファイナンスは，災害後の復興を容易にし，被災後にフローとして生じる被害を軽減するための事前の金銭的備えである．感染症のリスクマネジメントにおいても，その双方の観点からリスク対策に取り組むことが望ましい．ただし，他の災害リスクと異なり，感染症リスクのマネジメントを考える際には，感染症リスクの時間的側面と空間的側面を考慮しなければならない．感染症リスクは，一般に，時間的にピークのあるリスクである．すなわち，初期時点で感染範囲が狭い場合は，適切な対応を行うことで問題が顕在化することはないが，感染が拡大してしまえば，その拡大を抑止することは容易ではない．そのため，対策実施の適切なタイミングを検討することが重要となる．さらに，感染症は，人間

や家畜を経由して空間的に拡散していくため、対策実施の空間的範囲を検討することも必要である。感染症リスクは、時間と空間に依存するため、その対策についても時間と空間を考慮した対策が検討されなければならない。こうした感染症リスクの特徴を踏まえた上で、地域における口蹄疫リスクマネジメント手法を開発し、実践する必要がある。

2.1.2 リスク対策と合意形成

口蹄疫は低頻度、大規模被害という特徴をもつ災害リスクである。本来、こうした低頻度リスクの対策は、問題が顕在化した場合には有効に機能しうるが、普段は直接的に役に立たない場合が多い。本来、リスク事象は不確実であり、その事象が発生するか否かは、計画時点で完全に予測することは出来ない。リスク対策は、そもそも不確実なリスク事象への対策であり、もしそのリスク事象が生起しなければ、実質的には役に立たない。このような特徴を有するリスク対策の実施に際しては、リスクが顕在化した場合の危機性(criticality)について、利害関係者間で十分に理解すると同時に、対策実施にあたっての合意形成を事前段階から行うことが重要である。

老子や荘子において、「無用の用」という概念、用語が用いられている。これは、役に立たないと思われているものが、実際は大きな役割を果たしているということを意味する。リスクマネジメントは、その性質上、無用の用であると言っても過言ではない。将来が不確実な我々の社会において、当該リスクが顕在するか不確実である計画段階から、そのリスクへの対処行動を取ることは極めて難しい。その原因は、国民のリスク事象に対する不十分な理解と、それに基づく合意形成を行うことの困難さにある。多くのリスク対策は、その問題が顕在化した後に法制度化される場合が多い。問題発生以前において対策実施の社会的合意を得ることは極めて難しい。行政には、国民のリスク認識を適切に形成するため、科学的根拠に裏付けに基づくリスク評価とその情報公開が求められる。とりわけ、本論文で対象とする口蹄疫リスクについては、2010年度の宮崎県の事例から、畜産・酪農業が主な産業基盤となっている地域においては、リスクマネジメントの視点から地域防疫計画を策定することは喫緊の課題となっている。

2.1.3 セットアップ費用と転用可能性

将来が不確実である我々の社会において、将来発生が不確実なリスクに対して、社会としてどれだけの備えを行うかは、社会的な合意事項である。ただし、一旦リスクが顕在化した場合に、甚大かつ不可逆な損害をもたらさうるリスクに対しては、対策をセットアップしておくことが、安全・安心社会を実現するためには必要不可欠である。Hirschleifer³⁾は、こうした将来が不確実な事象に対処するために必要な費用をセットアップ費用 (*set-up cost*) と呼んでいる。あるリスク事象に対して、社会が備えることが適切であると認識された場合には、セットアップ費用を低下させる必要がある。下記で説明する対策の転用可能性は、こうしたセットアップ費用を削減するための重要な概念である。

対策の転用可能性を検討することは、セットアップ費用を減少させる上で極めて重要である。あるリスク事象の対策をその用途だけに用いる場合は、社会がその対策の重要性を認識することは容易ではない。緊急時に必要となる人員や資材が、平常時から別の用途で用いられていれば、上記で説明したセットアップ費用を削減することが出来る。あるリスク事象の発生確率を r 、発生した場合の被害を D で表す。対策費用を C とし、対策を実施した場合の被害を sD と表す。 s ($0 < s < 1$) は対策実施による被害の削減効果を表す。

いま、

$$rD < rsD + C \quad (2.1)$$

が成立することを仮定する。すなわち、対策を実施した場合のリスクコストが対策を実施しない場合のコストを上回る条件である。これを書き直せば、

$$r < \frac{C}{(1-s)D} \quad (2.2)$$

が成立する。すなわち、(2.1)が成立しやすい条件は、 r が小さいとき、すなわち、当該リスク事象の発生確率が小さければ、この条件式を満たしやすいことが分かる。ここで、今回実施する対策を、リスク事象への対策に限らず、平常時においても実施した対策が、当該地域に便益をもたらす場合を考える。すなわち、対策の他の用途への転用可能性が確保されている場合である。こうした平常時の対策効果の便益を B と表す。このとき、

$$rD < rsD + C - B \quad (2.3)$$

より

$$r < \frac{C - B}{(1 - s)D} \quad (2.4)$$

が成立するとき，対策を実施しない方が望ましい．(2.2)式と比較することにより，他の条件が同じであれば，対策を実施することが望ましいリスク発生確率の範囲が広がることが分かる．

リスク事象の対策の実施に際しては，セットアップ費用の問題は本質的課題である．口蹄疫のリスクマネジメントにおいても対策の平常時の転用可能性とその便益を考慮しながら，対策を構築していくことが望ましい．本研究では，そのような観点から，口蹄疫の地域防疫計画策定を支援する口蹄疫の伝染モデリングとその対策効果について分析を実施する．

2.2 各国における口蹄疫の防疫計画

2.2.1 我が国における口蹄疫の防疫計画

わが国では，1908年に感染されて以降，2000年に92年ぶりとなる発生が確認され，家畜伝染病予防法（昭和26年法律第166号．以下「法」という．）の制定以来初めて，その発生に伴うまん延防止措置が実施された．

口蹄疫に関する特定家畜伝染病防疫指針(平成16年)⁴⁾によれば，「本病の防疫対策は，第1に本病の発生国からの病原体の侵入を防止すること，第2に本病が発生した場合にはその被害を最小限にくい止めることが基本となる．このため，国内で発生した際には，国際的な本病清浄国の防疫原則に則り，殺処分により本病の撲滅を図り，常在化を防止する対策を実施することが重要である」としている．口蹄疫の防疫対策は，法第16条の規定に基づく患畜及び疑似患畜のと殺が基本対策として位置づけられ，法第21条の規定に基づく患畜等の死体の焼却等，法第23条の規定に基づく汚染物品の焼却等，法第25条の規定に基づく畜舎の消毒等のまん延防止措置の早急な実施が要請されている．しかし，同指針においては，法第16条の規定に基づく患畜，及び疑似患畜を判断するための明確な規定がない．このため，感染事例が発見された箇所から一定程度の近接地域内で飼育されている家畜を疑似患畜とみなして，口蹄疫の拡大を抑止することを目的とした予防的殺処分を実施しているのが実情である．

患畜及び疑似患畜の殺処分は、原則として家畜又はその死体等の所有者（管理者を含む）が行うとしているが、現実には殺処分能力には限界があるため、まん延防止のため一時的にワクチン接種が実施されこととなる。しかし、ワクチン接種された家畜は患畜及び疑似患畜と認定されたことにほかならず、殺処分能力の制約が解消された場合には殺処分の対象となる。このため、ワクチン接種の対象となる家畜を決定することは、将来時点における殺処分の対象を決定したことに他ならない。同指針には、ワクチン接種の対象となる家畜を決定するための明確な規定がないのが実情である。このように、患畜及び疑似患畜の殺処分を実施するためには、所有者の同意が必要となるが、予防的殺処分の対象となる農場の選定に任意性が介在することは否定できず、予防的殺処分の実施に対して関係農家に対して合意形成が困難となる場合も少なくない。感染リスクマネジメントの視点に立って適切な予防的殺処分対策を実施するために、口蹄疫の感染リスクを客観的に評価するための空間伝染モデルの作成が急務となっている。

2.2.2 各国における口蹄疫の防疫計画

世界的な口蹄疫の防疫計画としては、国連食料農業機関 (FAO)、国際獣疫局 (OIE)、口蹄疫制御欧州委員会 (EUFMD) が2011年1月26日に策定した、『The Progressive Control Pathway for FMD control (PCP-FMD) ⁵⁾』が基本方針となりつつある。PCP-FMDは、未だ口蹄疫が流行している国において、口蹄疫の影響を段階的に軽減させることを支援または促進することを目的として策定された。従って、日本も含め一般的な口蹄疫清浄諸国は、通常、PCP-FMDの工程を考慮することなく、可能な限り速やかに口蹄疫を撲滅し、口蹄疫清浄資格の回復を行なうことができる状況にある。PCP-FMDの基本原則は、口蹄疫が継続して発生している国において、口蹄疫の積極的な監視及び疫学的な理解を、その国自体が試みていることである。そのため、いかに正確に現状の発生状況を監視できるシステムが存在しているかどうか、またそれら監視情報を発信できる体制がどれほど構築されているかが、口蹄疫清浄国になるためには重要となる。PCP-FMDは、上記対応の進捗状況に基づき、対象国の口蹄疫対策における位置づけを6段階（第0段階～第5段階）に分割している。対象国は、それぞれの段階に設けられた目標を達成することで、上位段階へのランクアップをFAOとOIEにより認められ、最終的に口蹄疫清浄国になることを目指す。具体的な各段

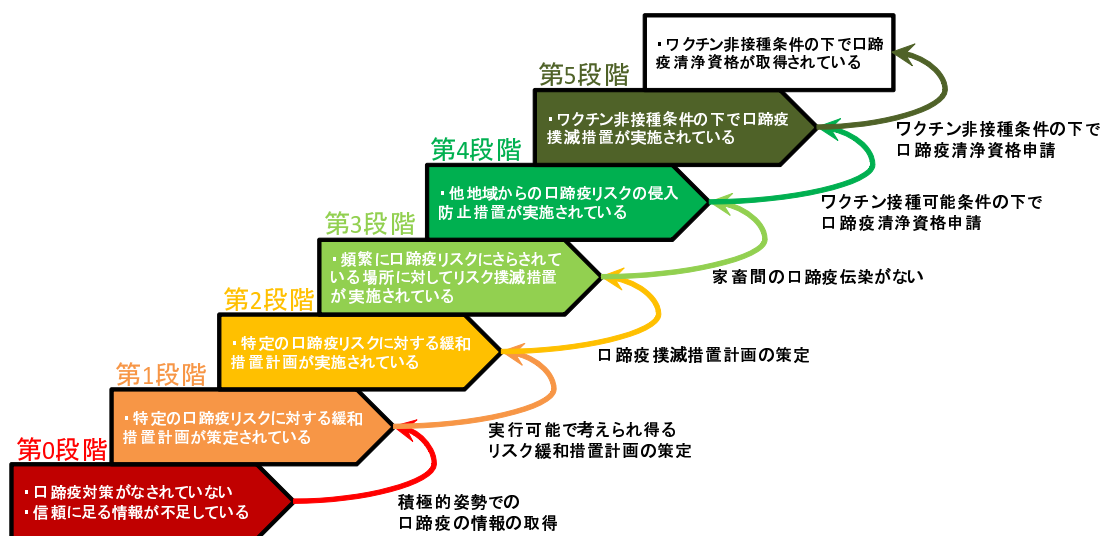


図-2.1 PCPにおける各段階の要件

階での対象国の状況並びにランクアップするための要件を示したものが図-2.1である。第0段階においては、口蹄疫リスクに対する対策が全くされておらず、それ故に信頼に足る情報収集もできていない状況となっている。そのため、第0段階から第1段階へのランクアップの要件としては、積極的姿勢を持って口蹄疫の情報を取得するといった根本的な要件が求められる。第1段階は、口蹄疫のもたらす影響の内、何をリスクとして捉えるかが制定されている状況であり、対象国内のステークホルダーが疫学的知識を共有化しており、もっとも流行している口蹄疫ウイルス株も特定されている状況となる。ただ、第1段階においては、擬似症例の報告までは義務付けられていない。従って、第1段階から第2段階へのランクアップの要件としては、ある特定の口蹄疫リスクに対して、そのリスクが頻繁に生じる箇所の特定化を行なったうえで、実行可能と考えられ得るリスク緩和措置計画を策定することが求められる。第2段階は、複数の家畜、並びに一つまたは複数地域において口蹄疫リスクの軽減措置が実施されている状況であり、第1段階で対象とした、特定の口蹄疫リスクに対する措置が実施されている状況となる。従って、第2段階から第3段階へのランクアップの要件としては、対象国内の少なくとも一つの地域からの口蹄疫撲滅措置計画が策定することが求められる。第3段階は、一つまたは複数地域における口蹄疫リスクの撲滅措置が実施されている状況である。従って、第3段階から第

4段階へのランクアップの要件としては、口蹄疫発生時には正確な発生源追跡を行なえる環境を備えた上で、対象国内における家畜間での口蹄疫伝染がないことが求められる。第4段階は、対象国とは異なる畜産形態における口蹄疫リスクのモニタリングを行うと共に、他地域からの口蹄疫リスクの侵入を軽減できている状況となる。なお、この段階では、ワクチン接種の条件の下での口蹄疫撲滅措置計画が実施されている状況である。従って、第4段階から第5段階へのランクアップの要件としては、ワクチン接種可能条件の下で口蹄疫清浄資格申請をOIEに対して実施可能であることが求められる。第5段階は、ワクチン非接種条件の下で口蹄疫撲滅措置が実施されている状況である。従って、第5段階から清浄国になるためには、ワクチン非接種条件の下で口蹄疫清浄資格申請をOIEに対して実施可能であることが求められる。このような各段階での目標設定を明確化することで、口蹄疫発生国が置かれている状況を、自国で把握することを容易にし、次に取り組むべき施策の方向性が明確となる。ここにPCP-FMDの存在意義がある。なお、清浄国においても口蹄疫の発生リスクがゼロではないため、日本のような清浄国において、もし口蹄疫が発生した際には清浄国に復帰するための要件が設けられている。口蹄疫発生時に撲滅措置としてワクチン接種を実施しない場合、スタンピング・アウト（発生農場の家畜全頭の殺処分）が実施された上で、最終発生から3カ月が経過することが対象国が清浄国に復帰するための要件として挙げられる。逆に不幸にも撲滅措置としてワクチン接種を実施した場合には、スタンピング・アウトが実施された上で、全てのワクチン接種動物を殺処分してから3カ月が経過すること、あるいはワクチン接種中止および最終発生から12カ月が経過することが対象国が清浄国に復帰するための要件として挙げられる。

2.2.3 口蹄疫の地域防疫計画

口蹄疫リスクは、地域住民の生活基盤に対して突発的かつ甚大な被害をもたらすカタストロフリスクである。その被害を抑止、軽減するためには、口蹄疫が発生する以前の段階で、地域ルールとして口蹄疫が発生した場合の対処方法について住民の間で合意が得られていることが望ましい。本研究では、口蹄疫の時空間の感染過程をモデル化し、口蹄疫の空間リスクを定量的に評価することを試みる。リスクを定量的に評価することを通じて、地域の特性に即した地域防疫計画を策定

することが可能となる。

地域防疫計画を策定する上で、口蹄疫による家畜の感染拡大を抑止するために、口蹄疫の発症が確認された農場だけでなく、感染の可能性がある近隣の農場で飼育されている家畜に対しても予防的殺処分が実施される点は留意する必要がある。その際、予防的殺処分を実施する空間的範囲の設定が課題となる。感染拡大を抑止するためには殺処分の対象となる空間的範囲を拡大することが必要となるが、空間的範囲が拡大すれば殺処分による家畜の資産損失が増加する。さらに、殺処分能力に限界がある場合には、口蹄疫の感染速度を減少させるためのワクチン接種と殺処分対象となる農場の優先順位を決定することが必要となる。また、予防的殺処分の実施に際しては、そのタイミングが重要な課題となる。口蹄疫の発症が確認されていない家畜の殺処分に際しては、農家の心理的抵抗が大きい。一方で、予防的殺処分のタイミングの遅れは、地域の感染拡大につながり、地域の壊滅的な損失となりかねない。そのため、殺処分の空間的範囲及びタイミングについては、各農家が合意形成を図り、事前に地域ルールとして制度化しておくことが望ましい。

2.3 本研究の基本的枠組み

2.3.1 感染症の伝染モデリング

Kermack and McKendrick⁶⁾により提起された感染症流行モデルは、その後の研究の蓄積^{7)–13)}を経て数理疫学モデルとして体系化^{14)–17)}されるに至っている。Kermack and McKendrickモデルは、局地的な封鎖人口における伝染病の急速かつ短期的な流行過程を表現したモデルである。封鎖地域における個体の状態を、感受性（免疫を持たず、感染もしていない）状態 S 、感染性（感染中で他の個体へのさらなる感染を起こす）状態 I 、回復または隔離（免疫を持つか隔離されて他の個体からの感染も他の個体への感染も起こさない）状態 R に分類し、各状態における個体数の動学的変化を微分方程式で表したものである。個体の状態を S, I, R という3つの状態に分類することよりSIRモデルと呼ばれる。さらに、インフルエンザのような潜伏期をもつ感染症に対しては、潜伏期状態 E を考慮したSEIRモデルへの拡張が行われている。これらの研究は、封鎖人口における状態遷移をマクロな状態変数を用いた微分方程式、あるいは積分方程式等を用いた数理モデルで表現する点に特徴がある。さらに、これらの微分方程式を用いてワクチン等の接種効果を理論的に解析している。

感染症流行モデルは、その後多方面へ拡張が試みられている。1つの方向性は、個体レベルでの感染状態の推移過程を詳細に記述する状態遷移モデル^{18), 19)}への拡張である。いま1つの方向性は、感染症流行の空間拡大過程を表現する空間伝染モデルの発展である。空間伝染モデルに関しては、研究の緒についたばかりであり、研究成果が十分に蓄積されているとは言えないのが実情である。解析的に空間伝染過程をモデル化することが難しいため、シミュレーションモデル^{20) - 23)}を用いた空間伝染モデルが提案されている。その中で、江島等²³⁾は、個人レベルでの感染状態を状態遷移モデルで表現するとともに、首都圏を対象として個人間接触によるインフルエンザの伝染過程をパーソントリップ調査結果に基づいてシミュレートし、インフルエンザ感染の抑止政策の効果を分析している。

口蹄疫に関しては、Keeling等²⁴⁾が2001年の英国における口蹄疫の伝染事例に基づいて、口蹄疫の空間伝染モデル(以下、Keelingモデルと呼ぶ)を提案している。Keelingモデルは農場単位での口蹄疫の感染確率をモデル化したものであり、ワクチンの接種効果や予防的殺処分の効果を分析するために応用されている^{25), 26)}。各農場の感染リスクを評価することに適していることから、本研究においてもKeelingモデルを応用して口蹄疫の感染・伝染過程をモデル化する。ただし、家畜の種類や飼育形態の異なるわが国において、Keelingモデルをそのまま適用することは出来ない。英国の事例では、牛と羊が主な患畜であったのに対し、2010年の宮崎の事例では牛と豚である。また、Keelingモデルでは、英国政府(DEFRA/MAFF)が収集、蓄積した各地域の家畜同士の接触履歴データベースから、農場間の距離が感染確率に及ぼす関数を導出している。これは、放牧が主な家畜の飼育形態である英国において、共通の敷地で異なる農場主が家畜を飼育している状況を考慮するためである。一方で、宮崎県ではこのような飼育形態はほとんど見られない。そのため、次章以降で定式化される、口蹄疫の空間伝染過程のモデル化にあたっては、Keelingモデルを応用する形で定式化を行い、さらに発展させるため、マルコフ連鎖過程を用いて口蹄疫の時空間伝染過程をモデル化している点の特徴的な点である。

2.3.2 口蹄疫の地域防疫計画におけるリスクモデリングの役割

2010年の宮崎の事例の事後調査では、口蹄疫の感染が大きく拡大した理由として、防疫措置の初期対応遅れが指摘されており、その原因として、1) 県の口蹄疫防

疫マニュアルにはない症状が見られ口蹄疫の初期発症事例を見逃したため、2) 動物衛生研究所と同等の検体鑑定等ができる人材あるいは施設が存在していなかったため、3) 豚への感染が防げなかったため、4) 殺処分家畜の埋却地確保が困難であったため、の4点が考えられている。1) の問題を解決するために、考えられ得る口蹄疫の症状を網羅した口蹄疫防疫マニュアルの作成が検討されており、2) の問題を解決するために、現況の意思決定機構である『農家→県→国→県→農家』から『農家→県・国→農家』への処理手順の短縮化が検討されている。また、3) の問題を解決するために、初期発症時における十分な家畜の隔離等の処置徹底が検討されており、4) の問題を解決するために、国や地方自治体による埋却地等の確保の義務化がなされている。しかしながら、口蹄疫には典型的な症状が存在しないことや、埋却地確保や消毒の義務化の期限が2年間であるなど、現状においても具体的かつ長期的な解決策が提言されているとは言い難い。宮崎の事例では、口蹄疫発生初期において大規模農場における豚への感染が確認された。豚への感染を機に、一日の作業許容量を越えた事象の対応を県は求められることとなったが、終息の見込みが見られないまま、結果的に、ワクチン接種を伴う予防的殺処分が国の主幹の下に行われ、国際的な清浄国としての地位を剥奪されることとなった。このような事態が二度と起きないようにするためには、有事の際に迅速な対応が取れる基本的な体勢作りは当然必要ではあるが、不測の事態に陥った場合に、他のシステムやツールからも転用が可能であるという、のりしろの大きな体勢を平常時から構築し、その概念を地域全体の共通認識として展開しておく必要がある。宮崎の事例においては、殺処分の実施に関わる人材・ワクチン・資材・機材・重機の調達、埋設地の決定、ワクチン接種、死体の移送・埋設、交通規制の実施、畜舎等の消毒作業といった現場作業における各プロセスにおいて、建設業者等も含めた地元の多種多様な業種の人々が関わることとなる。平常時においては、各業者間の連携はほとんどないため、有事の際の連携を潤滑に行うためには、国の提示してるプロセスフローに加えて、現地に根ざした関係主体間での調整や合意形成を事前に行なっておく必要がある。その合意形成を容易に行うシステムの開発が本研究の基盤概念として存在しており、その実現のためにリスクモデルの構築が必要となる。

2.3.3 殺処分の地域キャパシティ概念

図-2.3は、宮崎の事例を受けて平成23年10月1日に農林水産大臣が公表した『口蹄疫に関する特定家畜伝染病防疫指針』を基に作成した口蹄疫災害発生時の作業フローである。宮崎の事例を受けて、本筋の防疫方針等は国が決定権を持っており、その防疫方針に則って、現場での指示を受け持つのは都道府県という構図が明確化した。指示系統の構図が明確化しているが故に、ある事象が生じた場合にどのような行動をとるべきかは簡素化し、清浄化に至るまで、各関係機関のとるべき行動が理解しやすい状況となっている。しかしながら、現実においては、ある工程における現地の人員・資材・機材不足といった地域キャパシティオーバーによってその先の工程に進むことが困難な状況に陥ることが考えられる。そのような状況の解決には、前節で述べた地域内での合意形成の必要性が関わってくるため、現状において国から提示されている防疫方針においては考えられていない。図-2.3では、地域キャパシティに関わる可能性のある項目並びに関係機関を赤色で示しており、キャパシティに関わりなく時間を要する、あるいは関係機関の意思とは関係なく時間が必要とされる項目を青色で示している。また、作業フロー内において、本研究の各章がサポートできる可能性のある項目や関係機関を緑色で囲って示している。

地域に口蹄疫が発生すれば、最適抑止政策(予防的殺処分)を実施する空間的範囲と執行期間が決定される。このような最適抑止政策(上位政策)の決定を受けて、最適抑止政策を執行するために必要となる人材、資材の調達量が明らかとなる。最適抑止政策の実行可能性を担保するためには、地域内で即時に調達可能な人材、資材量(地域キャパシティ)を明確にするとともに、必要調達量が地域キャパシティを超過するリスクが大きくなれば、必要なタイミングで、より広域的な行政主体(国)に対して支援を依頼することが不可欠となる。さらに、調達資源量の制約が顕在化した場合を想定し、資源を配分する優先順位を階層構造全体を視野に入れて検討することも必要となる(図-2.2)。その際、ある時点における意思決定が次の時点における意思決定の基本情報となり、その関係は口蹄疫の終息宣言がなされるまで続く。従って各時点の意思決定によってその後に展開していく意思決定ネットワークがリアルタイムで変化していくこととなる。

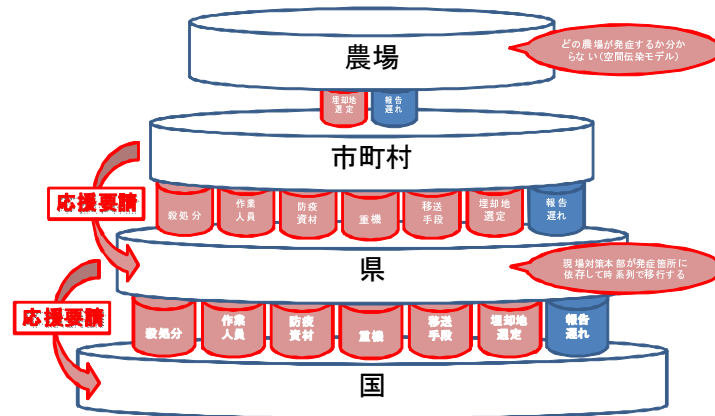


図-2.2 意思決定者の階層構造と地域キャパシティ

2.3.4 既往研究における本研究の位置づけ

地域防疫計画を策定する上で、口蹄疫が発生する以前の段階から、対策を検討し実施することが望ましい。中でも各農家がそれぞれ対応策を事前に講じるのはもとより、地域全体として対策を事前に検討する必要がある。2010年度の宮崎県の事例の調査報告書²⁷⁾の中でも報告されているように、口蹄疫が発生した場合は、行政が殺処分の初動体制を迅速に整備することによって、後の伝染リスクを著しく低下させる可能性があることを指摘している。また、口蹄疫の感染の規模が大きくなる場合は、地域で単位日数あたりに実施可能な殺処分数、すなわち、地域の殺処分キャパシティを十分確保しておく必要がある。2010年度の宮崎県の事例においては、地域の殺処分キャパシティに達したことから多くの殺処分遅れが発生し、感染拡大の原因になったことが報告されている²⁷⁾。これらの対策は、口蹄疫の発生後に対応策を検討し実施するようでは手遅れである。口蹄疫の発生以前の段階から、計画的視座をもって事前に口蹄疫対策を検討する必要がある、地域が抱える潜在的な口蹄疫リスクを軽減させるための各農場に共通する政策課題である。

このような観点から、本研究では、口蹄疫の発生・伝播過程を空間的マルコフ過程としてモデル化するとともに、時空間の伝染過程を考慮した口蹄疫のリスク評価指標について提案する。さらに、行政の迅速な初動体制や地域の殺処分キャパシティが、潜在的な口蹄疫リスクに与える影響について、2010年度の宮崎県の事例を用いて分析を行うことを目的とする。

[illegible]

23

参考文献

- 1) 亀井利明：リスクマネジメント理論，中央経済社，1992.
- 2) 山口光恒：現代のリスクと保険，岩波書店，1998.
- 3) David Hirshleifer: Hedging pressure and futures price movements in a general equilibrium model, *Econometrica*, Vol.58, No.2, pp.411-428, 1990.
- 4) 農林水産省：口蹄疫に関する特定家畜伝染病防疫指針，平成16年.
- 5) FAO,OIE and EUFMD: The Progressive Control Pathway for FMD control(PCP-FMD) Principles, Stage Descriptions and Standards, 2011
- 6) Kermack, W.O. and McKendrick, A.G.: Contributions to the mathematical theory of epidemics I, *Proceedings of the Royal Society* 115A, pp.700-721, 1927. (reprinted in *Bulletin of Mathematical Biology*, Vol.53(1/2), pp.33-55, 1991.)
- 7) Diekmann, O., Heesterbeek, J.A.P. and Metz, J.A.J.: On the definition and the computation of the basic reproduction ratio R_0 in models for infectious diseases in heterogeneous populations, *Journal of Mathematical Biology*, Vol.28, pp.365-382, 1990.
- 8) Dietz, K.: The estimation of the basic reproduction number for infectious diseases, *Statistical Methods in Medical Research*, Vol.2, pp.23-41, 1993.
- 9) Heesterbeek, J.A.P.: A brief history of R_0 and a recipe for its calculation, *Acta Biotheoretica*, Vol.50, pp.189-204, 2002.
- 10) Inaba, H. and Sekine, H.: A mathematical model for Chagas disease with infection-agedependent infectivity, *Mathematical Bioscience*, Vol.190, pp.39-69, 2004.
- 11) May, R.M. and Lloyd, A.L.: Infection dynamics on scale-free network, *Physical Review, E*, Vol.64, pp.66-112, 2001.

- 12) Nowak, M.A. and May, R.M.: *Virus Dynamics: Mathematical Principles of Immunology and Virology*, Oxford University Press, Oxford, 2000.
- 13) 西浦博, 稲葉寿: 感染症の流行: 感染症数理モデルにおける定量的課題, 統計数理, Vol.54, No.2, pp.461-480, 2006.
- 14) Anderson, R.M. and May, R.M.: *Infectious Diseases of Humans: Dynamics and Control*, Oxford University Press, Oxford, 1991.
- 15) Diekmann, O. and Heesterbeek, J.A.P.: *Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases: Model Building, Analysis and Interpretation*, John Wiley and Sons, Chichester, 2000.
- 16) Thieme, H.R.: *Mathematics in Population Biology*, Princeton University Press, Princeton and Oxford, 2003, ホルスト・R・ティーム: 生物集団の数学(上) 人口学, 生態学, 疫学へのアプローチ, 日本評論社, 2006.
- 17) 稲葉寿 (編著): 感染症の数理モデル, 培風館, 2008.
- 18) Ohkusa, Y. and Sugawara, T.: Simulation model of pandemic influenza in the whole of Japan, *Japan Journal of Infection Diseases*, Vol.62, pp.98-106, 2009.
- 19) Halloran, M.E., Longini, I.M., Cowart D.M. and Nizam, A.: Community interventions and the epidemic prevention potential, *Vaccine*, Vol.20, pp.3254-3262, 2002.
- 20) Elveback, L.R. and Fox, J.P., Ackerman, E., Langworthy, A., Boyd, M. and Gatewood, L.: An influenza simulation model for immunization studies, *American Journal of Epidemiology*, Vol.103, pp.152-165, 1976.
- 21) Haber, M.J. and Shay D.K., Davis, X.M., Patel, R., Jin, X., Weintraub, E., Orenstein, E. and Thompson, W.W.: Effectiveness of interventions to reduce contact rates during a simulated influenza pandemic, *Emerging Infectious Diseases Journal*, Vol.13, pp.581-589, 2007.
- 22) Yasuda, H. and Yoshizawa, N., Kimura, M., Shigematsu, M., Kawachi, S., Oshima, M., Yamamoto, K. and Suzuki, K.: Preparedness for the spread of influenza: prohibition of traffic, school closure, and vaccination of children in the commuter towns of Tokyo, *Journal of Urban Health*, Vol.85, No.4, pp.619-35, 2008.

- 23) 江島啓介, 鈴木秀幸, 合原一幸: パーソントリップ調査データに基づくインフルエンザ感染伝播の数理モデリング, 土木計画学研究発表会・講演集, Vol.41, CD-ROM, 2010.
- 24) Keeling, M.J., Woolhouse, M.E.J., Shaw, D.J., Louise Matthews, L., Chase-Topping, M., Haydon, D.T., Cornell, S.J., Kappey, J., Wilesmith, J., and Grenfell, B.T.: Dynamics of the 2001 UK foot and mouth epidemic: Stochastic dispersal in a heterogeneous landscape, *Science*, Vol.294, No.5543, pp.813-817, 2001.
- 25) Tildesley, M.J., Savill, N.J., Shaw, D.J., Deardon, R., Brooks, S.P. Woolhouse, M.E.J., Grenfell, B.T., and Keeling, M.J.: Optimal reactive vaccination strategies for a foot-and-mouth outbreak in the UK, *Nature, Letters*, pp.83-86, 2006.
- 26) Tildesley, M.J., Bessell, P.R., Keeling, M.J. and Woolhouse, M.E.J.: The role of pre-emptive culling in the control of foot-and-mouth disease, *Proceedings of the Royal Society, B*, Vol.27, pp.3239-3248, 2009.
- 27) 宮崎県口蹄疫対策検証委員: 2010年に宮崎県で発生した口蹄疫の対策に関する調査報告書, 2011.

第3章 口蹄疫の空間伝染モデル

3.1 緒言

口蹄疫 (foot-and-mouth disease) は、伝染力が極めて強い家畜伝染病である。ある農家の家畜が口蹄疫に感染すれば、周辺農家の家畜に空気伝染する可能性が極めて大きい。このため、口蹄疫の発症が確認された農場では、直ちにすべての家畜が殺処分される。さらに、近隣の農場においても、感染の有無に関わらず家畜の予防的殺処分が求められる。口蹄疫の発生は畜産・酪農業を営む家計や地域経済に甚大な被害をもたらす災害であり、口蹄疫の感染・伝染による被害を軽減するための地域防疫計画を事前に策定しておく必要がある。

口蹄疫の地域防疫計画を策定するためには、地域における畜産・酪農業を営む農家が口蹄疫の潜在的な伝染リスクを把握・理解すると同時に、家畜が口蹄疫を発症したときの対応を地域全体のルールとして事前に合意形成しておくことが重要である。本章では口蹄疫の空間伝染リスクを評価することを目的として、口蹄疫の空間伝染過程をマルコフ連鎖過程としてモデル化するとともに、現実の口蹄疫の感染・伝染過程に関する観測結果から、口蹄疫の空間伝染確率を予測するモデル (以下、空間伝染モデルと呼ぶ) を推計するための方法論を提案する。口蹄疫の空間伝染モデルを観測データに基づいて推計する際には、1) 潜伏期間における感染可能性、2) 予防的殺処分等による人為的政策による影響を考慮することが必要である。口蹄疫は、家畜感染症の中でも潜伏期間が長く、潜伏期間中であっても強い感染力を有していることが知られている。家畜の口蹄疫への感染は、疫学検査を通してはじめて確認される。一方、潜伏期間中における感染の事実を確認することは容易ではないため、予防的に殺処分された家畜の感染の有無を確認することは困難である。このように口蹄疫の感染・伝染過程においては、口蹄疫の発症状態のみが観測可能であり、地域における家畜の感染状態を完全には把握できないという問題が発生する。本章では、このような特性を有する口蹄疫の空間伝染モデルをMCMC (Markov Chain Monte Carlo) 法^{1), 2)}を用いて推計する方法論を提案する。

以上の問題意識に基づいて、潜伏期間を考慮した口蹄疫の空間伝染モデルを定

式化するとともに，口蹄疫の感染・伝染過程の部分的観測可能性を明示的に考慮した推計方法を提案する．さらに，2010年に発生した宮崎県の口蹄疫災害を対象として，空間伝染モデルを推計することとする．以下，**3.2.**では本章における基本的な考え方を述べる．**3.3.**において口蹄疫の空間伝染過程について定式化し，**3.4.**で発症データの観測過程を記述する．**3.5.**でMCMC法を用いた推計アルゴリズムを提案し，**3.6.**で適用事例について述べる．

3.2 空間伝染モデルの基本的な考え方

3.2.1 口蹄疫サンプルの発生過程

口蹄疫の感染・伝染過程をモデル化する場合，**1.**で言及したように，1) 潜伏期間における感染可能性，2) 予防的殺処分等の人為的政策による影響を考慮することが必要である．家畜が口蹄疫に感染すると潜伏期間中であつても感染力が強く，発症事例が観察されないうちに空間伝染が進行する．このため，政策的判断により発症が確認されない家畜が予防的に殺処分されることがあるが，殺処分された家畜が口蹄疫に感染していたかどうかを確認することは不可能である．ある時点において各農場において観察可能な事象は，1) 発症していない状態，2) 発症しているが殺処分が実施されていない状態，3) 過去，もしくは現時点で発症が観察され殺処分された状態，4) 過去，または現時点で未発症であるが予防的に殺処分された状態のいずれかである．

いま，議論の見通しをよくするため，仮に予防的殺処分が実施されない場合を考える．対象としているタイプの家畜が口蹄疫に感染した場合，発症するまでの潜伏期間長が l であるとする． l は確定値とし，不確実性は考慮しない．この時，「時点 t に発症した」という情報から，感染時点 $t-l$ を特定することができる．さらに，対象地域のすべての農場の感染状態に関する情報が獲得されるため，地域全体における感染状態(システム状態と呼ぶ)を図-3.1に示すように特定できる．すなわち，対象地域の農場における一連の発症状態の情報から，任意の時点におけるシステム状態を特定することができる．図-3.2は，隣接する2つの時点におけるシステム状態の推移パターンを表現している．このように各期において実現するシステム状態とその推移パターンがすべて観察できる場合，観察されるデータ構造は完備情報であると呼ぶ．ある時点 t におけるシステム状態を起因としてから時点 $t+1$ に

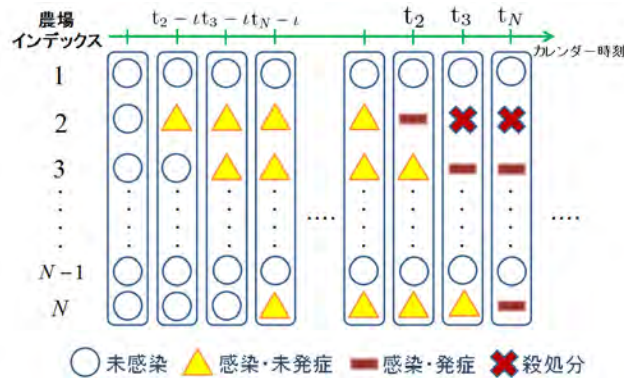


図-3.1 完備情報下でのシステム状態

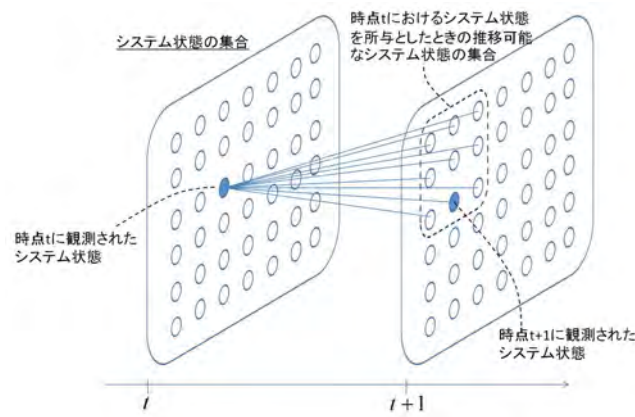


図-3.2 システム状態の推移パターン（完備情報）

は複数のシステム状態へ推移することが可能であるが、現実にはその中の1つのシステム状態(青丸)に推移する．完備情報下では、各期で実現したシステム状態がすべて観測できる．一方、未発症状態の家畜に対して予防的殺処分が実施される場合には、殺処分された家畜が口蹄疫に感染したかどうかを確認できない．ただし、予防的殺処分を実施した農場に関して、「口蹄疫を発症していない」という情報は獲得できる．未感染、潜伏状態のいずれの場合も、未発症というカテゴリーに分類されるため、図-3.3に示すように、口蹄疫の発症状態から決定される任意の時点のシステム状態は複数個存在する．口蹄疫の感染・伝染過程はある時点のシステム状態の集合から、次の時点におけるシステム状態の集合への対応関係として記述される．このように、口蹄疫の感染・伝染過程が部分的に観測可能な情報で記述される場合、不完備情報であると呼ぶ．

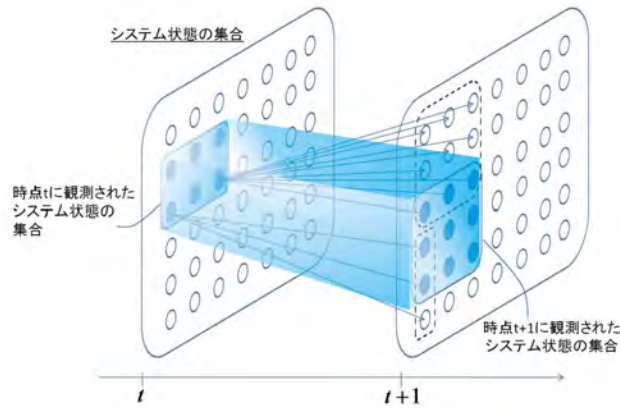


図-3.3 システム状態の推移パターン（不完備情報）

3.3 空間伝染モデル

3.3.1 モデル化の前提条件

口蹄疫の発生・伝染とその終息に至るまでの時空間過程を離散的時間軸で展開するマルコフ連鎖モデルとして記述する．対象地域では口蹄疫に感染する可能性のある R 種類の家畜が飼育されている．家畜のタイプ r ($r = 1, \dots, R$) により潜伏期間 i^r が異なる．口蹄疫が発症した家畜だけでなく潜伏期間中の家畜も口蹄疫の感染源となる．記述の便宜上，1箇所の農場には1つのタイプの家畜のみが飼育されていると仮定する．複数のタイプの家畜が飼育されている場合，それぞれのタイプの家畜が飼育されている複数の農場に分割する．カレンダー時間上の時刻 t_0 に，最初の口蹄疫の感染事例が現れる．口蹄疫の潜伏期間は i^r であり，感染から i^r 期後に発症する．カレンダー時刻 t_0 を始点とする離散時間軸 $t = 0, 1, \dots, T$ を考える．離散時間軸上の時刻を時点と呼び，カレンダー時刻と区別する．時点 T に口蹄疫の伝染過程が収束する．空間伝染モデルの定式化にあたり，対象期間中に口蹄疫が発症した農場においては，当該期の期末に家畜の殺処分が実施されると仮定する．なお，現実には，感染を確認するための疫学的検査が実施するまでに時間を要したり，殺処分を実施する人員や資材の制約から殺処分実施に遅延が生じる．また，発症が確認されていない農場において予防的殺処分が実施される場合もある．現実に観察される口蹄疫の発症データは，口蹄疫の抑止政策の影響を受けており，抑止政策の実施を明示的に考慮にいった感染・伝染過程をモデル化することが必要となる．抑止政策を考慮にいった空間伝染モデルに関しては，のちに4. で議論する．なお，口蹄

疫の感染から発症に至るまでの間にタイムラグ(潜伏期間)が存在する．一般に，状態変数の推移確率がタイムラグを有する過去の状態変数に影響を受ける場合，状態変数の推移過程はタイムラグを考慮した多重マルコフ連鎖モデルを用いて表現される．しかし，口蹄疫の感染，発症過程は，状態変数間の推移が不可逆的に進行するため，口蹄疫の感染，発症過程を単純マルコフ連鎖モデルで表現することが可能である．離散時間軸上の初期時点 $t=0$ において，単一もしくは複数農場に最初の口蹄疫が発生する場合を想定する．ある農場における家畜が口蹄疫に感染しているか否かは，発症しない限り観測できないが，ここでは，ひとまず口蹄疫に感染したかどうかを観察可能であると仮定して議論を進める．

3.3.2 モデル化

対象とする地域に N 箇所の農場が立地し，それぞれ口蹄疫に感染する可能性がある家畜を飼育している．時点 $t=0$ を初期時点とする期間 $[0, T]$ を対象とする．農場 i においてタイプ r_i の家畜が飼育されていることより，表記の簡便化のため農場 i における家畜が口蹄疫に感染した場合の潜伏期間を $\iota_i = \iota^{r_i}$ と表す．時点 $t=0, \dots, T$ における農場 i ($i=1, \dots, N$) の口蹄疫感染状態 (以下，ミクロ状態と呼ぶ) を

$$s_i(t) = \begin{cases} 0 & \text{未感染な状態} \\ 1 & \text{当該期に感染した場合} \\ 2 & \text{1期前に感染した状態} \\ \vdots & \vdots \\ \iota_i & \iota_i - 1 \text{期に感染した状態} \\ \iota_i + 1 & \text{口蹄疫が発症した状態} \\ \iota_i + 2 & \text{殺処分された状態} \end{cases} \quad (3.1)$$

と表す．時点 t の期首における地域全体における口蹄疫伝染状態を表す状態変数 (以下，システム状態変数と呼ぶ) を， $\mathbf{S}(t) = \{s_1(t), \dots, s_N(t)\}$ を用いて定義する．農家 i に対してミクロ状態変数 $s_i(t) = s_i$ は $s_i = 0, 1, 2, \dots, \iota_i + 2$ という $\iota_i + 3$ 種類の状態をとる．システム状態変数 $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h = (s_1^h, \dots, s_N^h)$ ($h=1, \dots, K$) は，各農場のミクロ状態 s_i^h ($i=1, \dots, N$) の組として定義する． s_i^h はシステム状態 h における農場 i のミクロ状態を表す．各農場に対して $\iota_i + 3$ 個のミクロ状態が存在するため，システム状態は

$K = \prod_{i=1}^N (\iota_i + 3)$ 組の状態ベクトルを用いて表現できる． K 個のシステム状態の集合を \mathcal{S} と表記する．

時点 t ($t = 0, \dots, T$) において，システム状態 \mathbf{S}_h において未感染状態であった農場において，時点 $t+1$ において口蹄疫に感染する確率 $\rho_i(\mathbf{S}_h)$ を Keeling モデル²¹⁾を用いて

$$\rho_i(\mathbf{S}_h) = 1 - \exp \left\{ - \left(\sum_{r=1}^R \zeta^r m_i^r \right) \sum_{j \in J(\mathbf{S}_h)} \kappa(d_{ij}) \right\} \quad (3.2)$$

と表現する．ただし， $J(\mathbf{S}_h)$ はシステム状態 $S(t) = \mathbf{S}_h$ において口蹄疫に感染した農場の集合であり， $J(\mathbf{S}_h) = \{j | s_j^h = 1, \dots, \iota_i + 1; j = 1, \dots, N\}$ と定義できる． ζ^r はタイプ r ($r = 1, \dots, R$) の家畜の感染の感受性 (susceptibility) パラメータであり， m_i^r は農家 i のタイプ r の家畜飼育頭数を表す．該当する家畜が飼育されていない場合は $m_i^r = 0$ である．農場 i から j への感染カーネル (infection kernel)

$$\kappa(d_{ij}) = d_{ij}^{-\gamma} \quad (3.3)$$

は，農家 i と j の距離 d_{ij} の関数であり， γ (> 0) は距離抵抗パラメータである．Keeling モデルでは式 (3.3) で表される感染カーネルに農場の規模を表す変数 (例えば，飼育されている家畜数) が付加されている．しかし，放牧を主体とする英国とは異なり，わが国では家畜が屋内で飼育されている場合が多く，農場間の空間規模の違いはそれほど大きくない．さらに，感染カーネルに飼育家畜数を付加することは，口蹄疫の発生農場においてすべての家畜が潜在的に感染していることを想定することにほかならない．空間伝染モデル (3.2) は，予防的殺処分を実施する潜在的感染農場を特定化するために用いられる．飼育家畜数を含めて感染カーネルを定義する場合，未発症の家畜も含めて周辺農家の感染確率を推計するため，予防的殺処分に対する周辺農家の心理的抵抗は大きくなる．合意形成の問題を考慮すれば，確認可能な情報のみを用いて空間伝染モデルを作成することが望ましい．以上の判断により，感染カーネルには発症農場の規模を表す変数を導入していない．なお，システム状態 \mathbf{S}_h の下で未感染状態にあった農場 i が，つぎの時点においても未感染状態のままとどまる確率を $q_i(\mathbf{S}_h)$ とすると

$$\begin{aligned} q_i(\mathbf{S}_h) &= 1 - \rho_i(\mathbf{S}_h) \\ &= \prod_{j \in J(\mathbf{S}_h)} \exp \left\{ - \left(\sum_{r=1}^R \zeta^r m_i^r \right) \kappa(d_{ij}) \right\} \end{aligned} \quad (3.4)$$

が成立する．

式(3.2)に示すように，ある農場において時点 $t+1$ に口蹄疫が発生するかどうかは，時点 t の地域全体におけるシステム状態 \mathbf{S}_h に依存する．時点 $t+1$ にシステム状態 $\mathbf{S}(t+1) = (s_1^g, \dots, s_N^g) (= \mathbf{S}_g)$ が実現したと考える．ミクロ状態変数 $s_i(t)$ ($i = 1, \dots, N$)に関して「未感染」→「感染」→「潜伏期間」→「発症」→「殺処分」と推移するため，時点 t と時点 $t+1$ のシステム状態の間に

$$\pi_{s_i^h s_i^g}(\mathbf{S}_h) = \begin{cases} q_i(\mathbf{S}_h) & s_i^h = 0, s_i^g = 0 \text{ の時} \\ \rho_i(\mathbf{S}_h) & s_i^h = 0, s_i^g = 1 \text{ の時} \\ 1 & s_i^h = k, s_i^g = k+1 \text{ の時} \\ & (k = 1, \dots, \iota_i + 1) \\ 1 & s_i^h = \iota_i + 2, s_i^g = \iota_i + 2 \\ 0 & \text{それ以外} \end{cases} \quad (3.5)$$

という関係が成立する．ミクロ状態 $s_i^h = \iota_i + 1$ は口蹄疫が発症した状態を表すが，口蹄疫の発症が確認された農場では当該期の期末に家畜が殺処分されると仮定しているため，次の時点にはミクロ状態 $s_i^g = \iota_i + 2$ に移行する．殺処分された状態 $s_i^g = \iota_i + 2$ は吸収状態である．一方，家畜が口蹄疫に感染した農場では，一定の潜伏期間を経たのちに口蹄疫の発症が確認される．ミクロ状態 $s_i^h = k$ ($k = 1, \dots, \iota_i$)から $s_i^g = k+1$ への推移確率 $\pi_{k, k+1} = 1$ は，潜伏期間が確率1で継続していることを表す．時点 t のシステム状態を $\mathbf{S}(t) = (s_1^h, \dots, s_N^h) (= \mathbf{S}_h)$ と表す．時点 $t+1$ にシステム状態 $\mathbf{S}(t+1) = (s_1^g, \dots, s_N^g) (= \mathbf{S}_g)$ が実現したと考える．ミクロ状態変数 $s_i(t)$ ($i = 1, \dots, N$)に関して「未感染」→「感染」→「潜伏期間」→「発症」→「殺処分」と推移するため，時点 t と時点 $t+1$ のシステム状態の間に

$$\begin{cases} s_i^g \leq 1 & s_i^h = 0 \text{ の時} \\ s_i^g = s_i^h + 1 & \iota_i + 1 \geq s_i^h \geq 1 \text{ の時} \\ s_i^g = s_i^h & s_i^h = \iota_i + 2 \end{cases} \quad (3.6)$$

という関係が成立する．したがって，システム状態 \mathbf{S}_h ($h = 1, \dots, K$)に対して， \mathbf{S}_h から到達可能なシステム状態 $\mathbf{S}_g = (s_1^g, \dots, s_N^g)$ を表す添え字 g の集合 (reachability set) $\mathcal{R}(\mathbf{S}_h)$ を

$$\mathcal{R}(\mathbf{S}_h) = \{ \mathbf{S}_g \in \mathcal{S} \mid \text{すべての } i \text{ に対して式(3.6)が成立する} \} \quad (3.7)$$

と定義する．到達可能性関係(3.7)を用いて，システム状態間に半順序関係 \mathcal{R} を定義できる．ここで， $\pi_{s_i^h s_i^g}(\mathbf{S}_h) = \text{Prob}\{s_i(t+1) = s_i^g | \mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h\}$ は，時点 t において地域全体のシステム状態が $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h$ の場合に，農場 i のミクロ状態 $s_i(t) = s_i^h$ ($s_i^h = 0, \dots, \iota_i + 2$)が時点 $t+1$ に状態 $s_i(t+1) = s_i^g$ ($s_i^g \geq s_i^h$)に推移する確率である．したがって，推移確率 $\pi_{s_i^h s_i^g}(\mathbf{S}_h)$ は

$$\pi_{s_i^h s_i^g}(\mathbf{S}_h) = \begin{cases} q_i(\mathbf{S}_h) & s_i^h = 0, s_i^g = 0 \text{ の時} \\ \rho_i(\mathbf{S}_h) & s_i^h = 0, s_i^g = 1 \text{ の時} \\ 1 & s_i^h = k, s_i^g = k+1 \text{ の時} \\ & (k = 1, \dots, \iota_i + 1) \\ 1 & s_i^h = \iota_i + 2, s_i^g = \iota_i + 2 \\ 0 & \text{それ以外} \end{cases} \quad (3.8)$$

と表される．ミクロ状態 $s_i^h = \iota_i + 1$ は口蹄疫が発症した状態を表すが，口蹄疫の発症が確認された農場では当該期の期末に家畜が殺処分されると仮定しているため，次の時点にはミクロ状態 $s_i^g = \iota_i + 2$ に移行する．殺処分された状態 $s_i^g = \iota_i + 2$ は吸収状態である．一方，家畜が口蹄疫に感染した農場では，一定の潜伏期間を経たのちに口蹄疫の発症が確認される．ミクロ状態 $s_i^h = k$ ($k = 1, \dots, \iota_i$)から $s_i^g = k+1$ への推移確率 $\pi_{k, k+1} = 1$ は，潜伏期間が確率1で継続していることを表す．この時，システム状態 $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h$ から状態 $\mathbf{S}(t+1) = \mathbf{S}_g$ への推移確率 Π_{hg} は

$$\begin{aligned} \Pi_{hg} &= \text{Prob}\{\mathbf{S}(t+1) = \mathbf{S}_g | \mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h\} \\ &= \prod_{i=1}^N \pi_{s_i^h s_i^g}(\mathbf{S}_h) \end{aligned} \quad (3.9)$$

と定義できる．

3.3.3 マルコフ連鎖モデル

本章では，対象とする地域における口蹄疫の感染・伝染過程を，単純マルコフ連鎖モデルとして表現する．システム状態 $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h$ から $\mathbf{S}(t+1) = \mathbf{S}_g$ の間の推移確率 Π_{hg} が式(3.9)で表現できることに留意すれば，時点 t と $t+1$ の間におけるマルコフ推

移確率行列は

$$\mathbf{\Pi} = \begin{pmatrix} \Pi_{11} & \cdots & \Pi_{1K} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \Pi_{K1} & \cdots & \Pi_{KK} \end{pmatrix} \quad (3.10)$$

と表すことができる．システム状態 $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h$ の生起確率を $P_h(t)$ ($h = 1, \dots, K$) と表し，システム状態の生起確率ベクトルを $\mathbf{P}(t) = \{P_1(t), \dots, P_K(t)\}$ と表記する．この時，地域全体における口蹄疫の空間感染・伝染過程を

$$\mathbf{P}(t) = \mathbf{P}(0)\{\mathbf{\Pi}\}^t \quad (3.11)$$

と表すことができる．初期時点におけるシステム状態の生起確率 $\mathbf{P}(0)$ は外生的に与えられる．

3.4 口蹄疫の観測過程

3.4.1 データの観測可能性

本章では，地域全体の口蹄疫の発症状態に関する時系列データを用いて，システム状態の推移確率の未知パラメータ $\boldsymbol{\theta} = \{\theta_0, \dots, \theta_R | \theta_0 = \gamma, \theta_r = \zeta^r; r = 1, \dots, R\}$ を推計する方法論を提案する．**3.3.** で定式化した空間伝染モデルでは，口蹄疫が発症した農場における家畜は，当該期のうちに殺処分されることを想定していた．しかし，現実に観測される口蹄疫の感染・伝染過程においては，殺処分の実施に遅延が生じたり，予防的殺処分が実施されることがある．予防的殺処分が実施される場合には，予防的殺処分が実施された農場の家畜が口蹄疫に感染したかどうかを確認することができない．したがって，個々の農場のミクロ状態に関しては，「口蹄疫を発症していない」という状態のみが観測されるだけであり，それ以外のミクロ状態を特定することが不可能である．

予防的殺処分が実施されない場合，各時点における各農場のミクロ状態がすべて確定された完備情報を獲得できる．一方，予防的殺処分が実施される場合，農場のミクロ状態が部分的にのみ観測可能であるような不完備情報しか得られない．以下，**3.4.2**においては，完備情報に基づいて，口蹄疫発症事例の生起確率(尤度)を定式化する．ついで，**3.4.3**では，不完備情報の下で口蹄疫の発症過程が生起確率を定式化する．

3.4.2 完備情報下における観察過程

予防的殺処分が実施されない場合に着目する．対象期間中 $t \in [0, T]$ にわたり農場 i ($i = 1, \dots, N$) の口蹄疫の発症状態が観測値として獲得できる．時点 t において観察される農場 i の発症状態を

$$\bar{u}_i^t = \begin{cases} 0 & \text{発症していない状態} \\ 1 & \text{発症している状態} \\ 2 & \text{殺処分された状態} \end{cases} \quad (3.12)$$

で表す．記号「 $\bar{\cdot}$ 」は完備情報下における観測値を意味する．時点 t における全ての農場 i の発症状態（以下，発症システム状態）を $\bar{\mathbf{u}}^t = (\bar{u}_1^t, \dots, \bar{u}_N^t)$ で表す．発症状態が観察された農場の家畜は殺処分されるが，現実の感染・伝染過程においては殺処分の実施に時間遅れが生じている場合がある．このため，以下の議論においてはミクロ状態 $\iota_i + 1$ が複数時点にわたって継続することを認めることとする．

いま，時点 $t = 0, \dots, T$ における発症状態に関するデータ $\bar{\mathbf{u}} = (\bar{\mathbf{u}}^0, \dots, \bar{\mathbf{u}}^T)$ が観測できたと考える．農場 i の時点 t のミクロ状態の観測値 $\bar{s}_i(t)$ を

$$\bar{s}_i(t) = \begin{cases} \iota_i + 2 & \bar{u}_i^t = 2 \text{ の時} \\ \iota_i + 1 & \bar{u}_i^t = 1 \text{ の時} \\ \iota_i - j & \bar{u}_i^t = 0, \bar{u}_i^{t+j} = 0 \text{ かつ} \\ & \bar{u}_i^{t+j+1} = 1 \text{ の時} \\ & (j = 0, \dots, \iota_i) \\ 0 & \text{それ以外の時} \end{cases} \quad (3.13)$$

と定義することができる．当該農場が感染した時点は，発症状態がはじめて観察された時点から ι_i 期を差し引いた時点となる．完備情報の場合，観測期間中の任意の時点 $t \in [0, T]$ におけるミクロ状態ベクトル $\bar{\mathbf{s}}(t) = \{\bar{s}_1(t), \dots, \bar{s}_N(t)\}$ が観測できる．さらに，時点 t のシステム状態 $\mathbf{S}(t) = (s_1^h, \dots, s_N^h) (= \mathbf{S}_h)$ も観測可能であり，その観測値を $\bar{\mathbf{S}}_h = (\bar{s}_1^h, \dots, \bar{s}_N^h)$ と表記する．

ここで，観測期間中の任意の隣接する2つの時点 $t, t+1$ におけるシステム状態 $\bar{\mathbf{S}}(t) = \bar{\mathbf{S}}_h$ ， $\bar{\mathbf{S}}(t+1) = \bar{\mathbf{S}}_g$ が与えられたと考える．この時，時点 t においてシステム状態 $\bar{\mathbf{S}}(t) = \bar{\mathbf{S}}_h$ が観察されたという条件の下で，時点 $t+1$ において農場 i のミクロ状態

$\bar{s}_i(t+1) = \bar{s}_i^g$ が観測される条件付き確率 $\pi_{\bar{s}_i^h \bar{s}_i^g}(\bar{\mathbf{S}}_h)$ は

$$\pi_{\bar{s}_i^h \bar{s}_i^g}(\bar{\mathbf{S}}_h) = \begin{cases} q_i(\bar{\mathbf{S}}_h) & \bar{s}_i^h = 0, \bar{s}_i^g = 0 \text{ の時} \\ \rho_i(\bar{\mathbf{S}}_h) & \bar{s}_i^h = 0, \bar{s}_i^g = 1 \text{ の時} \\ 1 & \bar{s}_i^h = k, \bar{s}_i^g = k+1 \text{ の時} \\ & (k = 1, \dots, \iota_i) \\ 1 & \bar{s}_i^h = \iota_i + 1, \bar{s}_i^g = \iota_i + 1 \text{ の時} \\ 1 & \bar{s}_i^h = \iota_i + 1, \bar{s}_i^g = \iota_i + 2 \text{ の時} \\ 1 & \bar{s}_i^h = \iota_i + 2, \bar{s}_i^g = \iota_i + 2 \end{cases} \quad (3.14)$$

と定義される．この時，時点 t にシステム状態 $\bar{\mathbf{S}}(t) = \bar{\mathbf{S}}_h$ が観測され，時点 $t+1$ にシステム状態 $\bar{\mathbf{S}}(t+1) = \bar{\mathbf{S}}_g$ が観測される条件付き確率 $\ell^t(\bar{\mathbf{S}}(t+1)|\bar{\mathbf{S}}(t), \boldsymbol{\theta})$ は

$$\ell^t(\bar{\mathbf{S}}(t+1)|\bar{\mathbf{S}}(t), \boldsymbol{\theta}) = \prod_{i=1}^N \pi_{\bar{s}_i^h \bar{s}_i^g}(\bar{\mathbf{S}}_h) \quad (3.15)$$

と表される．したがって，対象期間 $[0, T]$ におけるシステム状態の観測値ベクトル $\bar{\mathbf{V}} = \{\bar{\mathbf{S}}(0), \dots, \bar{\mathbf{S}}(T)\}$ が観測される同時生起確率(尤度) $\mathcal{L}(\bar{\mathbf{V}}, \boldsymbol{\theta})$ は

$$\mathcal{L}(\bar{\mathbf{V}}, \boldsymbol{\theta}) = \prod_{t=0}^T \ell^t(\bar{\mathbf{S}}(t+1)|\bar{\mathbf{S}}(t), \boldsymbol{\theta}) \quad (3.16)$$

で与えられる．この時，システム状態の観測値ベクトル $\bar{\mathbf{V}}$ を所与とすると，空間伝染モデル(5.15)の未知パラメータ $\boldsymbol{\theta} = \{\theta_0, \dots, \theta_R | \theta_0 = \gamma, \theta_r = \zeta^r; r = 1, \dots, R\}$ の最尤推定量は，尤度(3.16)を最大にするようなパラメータベクトル $\boldsymbol{\theta}^*$ として定義される．

3.4.3 不完備情報下における観測過程

対象期間中に，予防的殺処分が実施される場合を考える．ワクチンが接種された場合，接種時点において殺処分が実施されたとみなすことにする．対象期間中 $t \in [0, T]$ にわたり農場 i ($i = 1, \dots, N$) の口蹄疫の発症状態が観測値として獲得できる．時点 t において観察される農場 i の発症状態を

$$\tilde{u}_i^t = \begin{cases} 0 & \text{発症していない状態} \\ 1 & \text{発症後，殺処分されていない状態} \\ 2 & \text{発症後殺処分された状態} \\ 3 & \text{現時点(以前)に予防的殺処分した状態} \end{cases} \quad (3.17)$$

で表す. 記号「 \sim 」は観測値を意味する. 時点 t における全ての農場 i の発症状態（以下, 発症システム状態）を $\tilde{\mathbf{u}}^t = (\tilde{u}_1^t, \dots, \tilde{u}_N^t)$ で表す. 発症状態が観察された農場の家畜は殺処分されるが, 殺処分の実施に時間遅れが生じている場合があるため, ミクロ状態 $\iota_i + 1$ が複数時点にわたって継続することがありうる.

ある農場において口蹄疫の発症が確認されていない段階で予防的殺処分が実施された場合には, 当該農場が未感染の状態か, 潜伏期間中であつたかを判別できない. そこで, 農場 i が時点 \tilde{y}_i^- において未発症状態であり, かつ同時点において家畜が予防的殺処分された (時点 \tilde{y}_i において, はじめて $\tilde{u}_i^t = 3$ が観測され) た場合を考える. 記号 $-$ は時点 \tilde{y}_i において予防的殺処分が実施される直前の時点であることを意味する. この時, 時点 $\tilde{y}_i - \iota_i + 1$ から時点 \tilde{y}_i^- までの間の農場 i のミクロ状態を確定的に特定できない. しかし, 時点 \tilde{y}_i^- において未発症であるという情報より, 時点 t ($t = \tilde{y}_i - \iota_i + 1, \dots, \tilde{y}_i - 1, \tilde{y}_i^-$) においてミクロ状態変数 $s_i(t)$ が集合

$$\xi_i^t = \begin{cases} \{0, 1\} & t = \tilde{y}_i - \iota_i + 1 \text{ の時} \\ \{0, 1, 2\} & t = \tilde{y}_i - \iota_i + 2 \text{ の時} \\ \vdots & \vdots \\ \{0, 1, \dots, \iota_i\} & t = \tilde{y}_i^- \end{cases} \quad (3.18)$$

の中のいずれかの値を取りえることは推測できる. すなわち, ミクロ状態集合 ξ_i^t は

$$\xi_i^t = \{0, \dots, -\tilde{y}_i + \iota_i + t\} \quad (3.19)$$

と定義できる. ミクロ状態集合 ξ_i^t は, 農場 i において時点 \tilde{y}_i に予防的殺処分が実施されたことを与件として, 時点 t ($t = \tilde{y}_i - \iota_i + 1, \dots, \tilde{y}_i - 1, \tilde{y}_i^-$) において当該農場のミクロ状態が取りえる値の集合を表している.

時点 $t = 0, \dots, T$ における発症状態データ $\tilde{\mathbf{u}} = (\tilde{\mathbf{u}}^0, \dots, \tilde{\mathbf{u}}^T)$ を与件とする. 離散的時点 t ($t = 0, 1, \dots, T$) の中で, いずれかの農場において予防的殺処分が実施された時点 \tilde{y}_m ($m = 1, \dots, M$) と表す. M は対象期間中に予防的殺処分が実施された時点の数を表す. 対象期間を予防的殺処分が実施された時点 \tilde{y}_m ($m = 1, \dots, M$) に着目して $M + 1$ 個の排他的な期間 $[0, \tilde{y}_1^-], [\tilde{y}_1, \tilde{y}_2^-], \dots, [\tilde{y}_M, T]$ に分割し, 期間 m ($m = 1, \dots, M + 1$) を $\Delta_m = [\tilde{y}_{m-1}, \tilde{y}_m^-]$ と表す. なお, $\tilde{y}_0 = 0, \tilde{y}_{M+1}^- = T$ を満たす. 対象期間を通じて予防的殺処分が実施された農場の集合を Ξ と表す. 対象期間を通じて予防的殺処分が実施さ

れなかった農場 $i \notin \Xi$ の時点 t におけるマイクロ状態の観測値 $\tilde{s}_i(t)$ を,

$$\tilde{s}_i(t) = \begin{cases} \iota_i + 2 & \tilde{u}_i^t = 2 \text{ の時} \\ \iota_i + 1 & \tilde{u}_i^t = 0 \text{ の時} \\ \iota_i - j & \tilde{u}_i^t = 0, \tilde{u}_i^{t+j} = 0 \text{ か} \\ & \tilde{u}_i^{t+j+1} = 1 \text{ の時} \\ & (j = 0, \dots, \iota_i) \\ 0 & \text{それ以外の時} \end{cases} \quad (3.20)$$

と定義する．一方，農場 i において，殺処分が実施された時点 \tilde{y}_i においては，予防的殺処分を実施する直前のマイクロ状態 $\tilde{s}_i(\tilde{y}_i^-)$ が観測できる．一方，予防的殺処分が実施された直後のマイクロ状態を $\tilde{s}_i(\tilde{y}_i)$ と表記する．再び，期間 Δ_m に着目する．農場 $i \in \Xi$ の時点 $t \in \Delta_m$ のマイクロ状態の観測値 $\tilde{s}_i(t)$ を

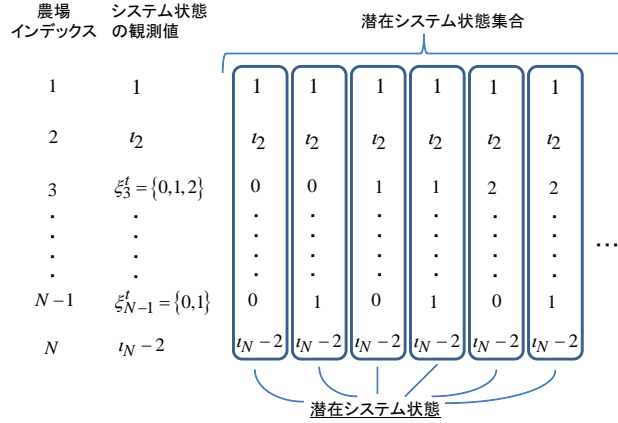
$$\tilde{s}_i(t) = \begin{cases} \iota_i + 2 & \tilde{u}_i^t = 3 \text{ の時} \\ \xi_i^t & \tilde{u}_i^t = 0 \text{ の時} \\ & (t \geq \tilde{y}_i - \iota_i + 1) \\ 0 & \tilde{u}_i^t = 0 \text{ の時} \\ & (t < \tilde{y}_i - \iota_i + 1) \end{cases} \quad (3.21)$$

と定義する．ただし，集合 ξ_i^t ($i \in \Xi^t$) は式 (3.19) で定義されるマイクロ状態集合， Ξ^t は時点 t において，マイクロ状態を一意的に決定できない農場の集合である．

時点 \tilde{y}_m においては，いずれかの農場で予防的殺処分が実施される．予防的殺処分が実施される直前の時点における農場 $i \in \Xi$ のマイクロ状態の観測値 $\tilde{s}_i(\tilde{y}_m^-)$ を

$$\tilde{s}_i(\tilde{y}_m^-) = \begin{cases} \iota_i + 2 & \tilde{u}_i^{\tilde{y}_m} = 3 \text{ の時} \\ & (\tilde{y}_i < \tilde{y}_m) \\ \xi_i^{\tilde{y}_m} & \tilde{u}_i^{\tilde{y}_m} = 3 \text{ の時} \\ & (\tilde{y}_i = \tilde{y}_m) \\ \xi_i^{\tilde{y}_m} & \tilde{u}_i^{\tilde{y}_m} = 0 \text{ の時} \\ & (\tilde{y}_m \geq \tilde{y}_i - \iota_i + 1) \\ 0 & \tilde{u}_i^{\tilde{y}_m} = 0 \text{ の時} \\ & (\tilde{y}_m < \tilde{y}_i - \iota_i + 1) \end{cases} \quad (3.22)$$

と表す．農場 i で時点 \tilde{y}_m に予防的殺処分が実施されない場合， $\tilde{s}_i(\tilde{y}_m) = \tilde{s}_i(\tilde{y}_m^-)$ が成立する．時点 $t \in \Delta_m$ のシステム状態を $\tilde{\mathbf{S}}(t) = \{\tilde{s}_1(t), \dots, \tilde{s}_N(t)\}$ と表す．期間 Δ_m におけるシ



注) 本事例では $i=3, N-1$ を除いてマイクロ状態 $s_i(t)$ が確定している． $\xi_3^t = \{0, 1, 2\}$, $\xi_{N-1}^t = \{0, 1\}$ であり，その中からマイクロ状態を1つずつ選択し，網羅的に組み合わせることにより潜在システム状態集合を得ることができる．ただし，記述の簡単化のため潜伏期間はすべての農場において一定値 i をとると想定している．

図-3.4 潜在システム状態変数の作成例

システム状態ベクトルを $\tilde{\mathbf{S}}_{\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m^-} = \{\tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_{m-1}), \dots, \tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_m^-)\}$ と表記する．ただし， $\tilde{s}_i(t) = \xi_i^t$ が成立する農場 $i \in \Xi^t$ では，マイクロ状態 $\tilde{s}_i(t)$ がマイクロ状態集合 ξ_i^t ($i \in \Xi^t$) に属する状態変数値をとりうる．

図-3.4 に例示するように，時点 t においてマイクロ状態を一意的に決定できない農場 $i \in \Xi^t$ に関しては，マイクロ状態集合 ξ_i^t の中からマイクロ状態 $s_i^{h_t} \in \xi_i^t$ を1つ選択するとともに，選択されたマイクロ状態をすべての $i \in \Xi^t$ に対して網羅的に組み合わせることにより，時点 t において実現する可能性のあるシステム状態 (以下，潜在システム状態と呼ぶ) \mathbf{S}_{h_t} ($h_t \in \eta^t$) を定義する．ここに， h_t は時点 t における潜在システム状態の添字， η^t は潜在システム状態の添字集合 (以下，潜在システム状態集合と呼ぶ) であるマイクロ状態集合 ξ_i^t の中からマイクロ状態 $s_i^{h_t} \in \xi_i^t$ を1つずつ選択することにより潜在システム状態 $\mathbf{S}_{h_t} = (s_1^{h_t}, \dots, s_N^{h_t})$ ($h_t \in \eta^t$) を作成する．さらに，期間 Δ_m における潜在システム状態ベクトルを $\mathbf{S}_{\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m^-} = (\mathbf{S}_{h_{\tilde{y}_{m-1}}}, \dots, \mathbf{S}_{h_{\tilde{y}_m^-}})$ と表記する．

再び，期間 Δ_m に着目する．潜在システム状態集合 η^t ($t \in \Delta_m$) は時点 t に応じて変動する．期間 Δ_m 中の任意の隣接する2つの時点 $t, t+1$ におけるシステム状態の推移状態を推移確率を用いて表現する．時点 t において潜在システム状態が $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h$ ($h \in \eta^t$) の場合に，時点 $t+1$ にシステム状態が $\mathbf{S}(t+1) = \mathbf{S}_g$ ($g \in \eta^{t+1}$) に推移すると考える．ただし， $t+1 = \tilde{y}_m$ の場合は，時点 \tilde{y}_m の予防的殺処分が実施される直前のシステム状態 $\mathbf{S}(\tilde{y}_m^-) = \mathbf{S}_g$ ($g \in \eta^{\tilde{y}_m^-}$) への推移状態を考える．この時，時点 t におけるシステム状態

の実現値が \mathbf{S}_h の時に、農場 i のミクロ状態 $s_i(t) = s_i^h$ が時点 $t+1$ に状態 $s_i(t+1) = s_i^g$ に推移する確率 $\pi_{s_i^h s_i^g}(\mathbf{S}_h) = \text{Prob}\{s_i(t+1) = s_i^g | \mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h\}$ は、

$$\pi_{s_i^h s_i^g}(\mathbf{S}_h) = \begin{cases} q_i(\mathbf{S}_h) & s_i^h = 0, s_i^g = 0 \text{ の時} \\ \rho_i(\mathbf{S}_h) & s_i^h = 0, s_i^g = 1 \text{ の時} \\ 1 & s_i^h = k, s_i^g = k+1 \text{ の時} \\ & (k = 1, \dots, \iota_i) \\ 1 & s_i^h = \iota_i + 1, s_i^g = \iota_i + 1 \text{ の時} \\ 1 & s_i^h = \iota_i + 1, s_i^g = \iota_i + 2 \text{ の時} \\ 1 & s_i^h = \iota_i + 2, s_i^g = \iota_i + 2 \end{cases} \quad (3.23)$$

となる。この時、時点 t に潜在システム状態 $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h$ が観測され、時点 $t+1$ に潜在システム状態 $\mathbf{S}(t+1) = \mathbf{S}_g$ が観測される条件付き確率 $\ell^t(\mathbf{S}_g | \mathbf{S}_h, \boldsymbol{\theta})$ は

$$\ell^t(\mathbf{S}_g | \mathbf{S}_h, \boldsymbol{\theta}) = \prod_{i=1}^N \pi_{s_i^h s_i^g}(\mathbf{S}_h) \quad (3.24)$$

と表される。しかし、口蹄疫の感染・伝染過程は部分的に観測可能であり、時点 t に生起している潜在システム状態 \mathbf{S}_h ($h \in \eta^t$) を確定できない。したがって、時点 $t+1$ における潜在システム状態の生起確率を求めるためには、時点 t における潜在システム状態の確率分布に関する情報が必要となる。

任意の時点 $t \in \Delta_m$ における潜在システム状態の確率分布を求めるためには、潜在システム状態間の推移関係をモデル化し、時点 $t \in \Delta_m$ における潜在システム状態の推移確率を求めることが必要となる。そこで、潜在システム状態間の推移関係を包含したシステム状態全体間の推移関係を任意のシステム状態 $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h$ から状態 $\mathbf{S}(t+1) = \mathbf{S}_g$ への推移確率 $\tilde{\Pi}_{hg}^t$ を用いて定義する。推移確率 $\tilde{\Pi}_{hg}^t$ を

$$\begin{aligned} \tilde{\Pi}_{hg}^t &= \text{Prob}\{\mathbf{S}(t+1) = \mathbf{S}_g | \mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h\} \\ &= \begin{cases} \prod_{i=1}^N \pi_{s_i^h s_i^g}(\tilde{\mathbf{S}}_h) & h \in \eta^t, g \in \eta^{t+1} \\ 0 & \text{それ以外} \end{cases} \end{aligned} \quad (3.25)$$

と定義する。推移確率 $\tilde{\Pi}_{hg}^t$ は、時点 t に依存して変化する。システム状態 $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h$ から $\mathbf{S}(t+1) = \mathbf{S}_g$ の間の推移確率 $\tilde{\Pi}_{hg}^t$ が式 (3.25) で表現できることに留意すれば、時点 t

と $t+1$ の間における推移確率行列は

$$\tilde{\mathbf{\Pi}}(t) = \begin{pmatrix} \tilde{\Pi}_{11}^t & \cdots & \tilde{\Pi}_{1K}^t \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \tilde{\Pi}_{K1}^t & \cdots & \tilde{\Pi}_{KK}^t \end{pmatrix} \quad (3.26)$$

と表せる．ただし，推移確率行列は潜在システム状態間の推移状態を表したものであり，推移確率行列 $\tilde{\mathbf{\Pi}}(t)$ の行和が1となる保証はない．期間 Δ_m の初期時点 \tilde{y}_{m-1} におけるシステム状態 $\mathbf{S}(\tilde{y}_{m-1}) = \mathbf{S}_h$ の生起確率を $\tilde{P}_h(\tilde{y}_{m-1})$ ($h = 1, \dots, K$) と表し，システム状態の生起確率ベクトルを $\tilde{\mathbf{P}}(t) = \{\tilde{P}_1(t), \dots, \tilde{P}_K(t)\}$ と表記する．この時，時点 $t \in [\tilde{y}_{m-1}, \tilde{y}_m^-]$ におけるシステム状態の生起確率は

$$\tilde{\mathbf{P}}(t) = \tilde{\mathbf{p}}(\tilde{y}_{m-1}) \tilde{\mathbf{\Pi}}(\tilde{y}_{m-1}) \cdots \tilde{\mathbf{\Pi}}(t-1) \tilde{\mathbf{\Pi}}(t) \quad (3.27)$$

と表せる．ただし， $\tilde{\mathbf{P}}(t) = \{\tilde{P}_1(t), \dots, \tilde{P}_K(t)\}$ は，時点 t における潜在システム状態の生起確率であり，時点 \tilde{y}_{m-1} におけるシステム状態の出現確率分布 $\tilde{\mathbf{p}}(\tilde{y}_{m-1}) = \{\tilde{p}_1(\tilde{y}_{m-1}), \dots, \tilde{p}_K(\tilde{y}_{m-1})\}$ とシステム状態の観測値 $\tilde{\mathbf{S}}(t)$ ($t = \tilde{y}_{m-1}, \dots, \tilde{y}_m^-$) を与件として導出される．潜在システム状態の生起確率 $\tilde{\mathbf{P}}(t)$ が求まれば，時点 t における潜在システム状態 \mathbf{S}_h の出現確率 $\tilde{p}_h(t)$ は

$$\tilde{p}_h(t) = \frac{\tilde{P}_h(t)}{\sum_{h' \in \eta^t} \tilde{P}_{h'}(t)} \quad (3.28)$$

と定義される．以下，期間 Δ_m 内の時点 t における潜在システム状態の生起確率 $\tilde{P}_h(t)$ ($h \in \eta^t$) を用いて，当該の潜在システム状態が出現する確率を正規化して求めた確率を出現確率と呼び，生起確率と区別化する．

期間 Δ_m の初期時点 \tilde{y}_{m-1} における潜在システム状態 \mathbf{S}_h の出現確率分布 $\tilde{p}_h(\tilde{y}_{m-1})$ は，予防的殺処分が実施された直後の時点における潜在システム状態 \mathbf{S}_h の生起確率分布 $\tilde{P}_h(\tilde{y}_{m-1})$ を用いて

$$\tilde{p}_h(\tilde{y}_{m-1}) = \frac{\tilde{P}_h(\tilde{y}_{m-1})}{\sum_{h' \in \eta^{\tilde{y}_{m-1}}} \tilde{P}_{h'}(\tilde{y}_{m-1})} \quad (3.29)$$

と定義される．この時，時点 t にシステム状態 $\tilde{\mathbf{S}}(t)$ が観測され，時点 $t+1$ にシステム状態 $\tilde{\mathbf{S}}(t+1)$ が観測される条件付き確率 $\ell^t(\tilde{\mathbf{S}}(t+1)|\tilde{\mathbf{S}}(t), \boldsymbol{\theta})$ は

$$\ell^t(\tilde{\mathbf{S}}(t+1)|\tilde{\mathbf{S}}(t), \boldsymbol{\theta}) = \sum_{g \in \eta^{t+1}} \sum_{h \in \eta^t} \tilde{p}_h(t) \prod_{i=1}^N \pi_{s_i^h s_i^g}(\tilde{\mathbf{S}}_h) \quad (3.30)$$

と表される．

いま，期間 Δ_m におけるシステム状態観測ベクトル $\tilde{\mathbf{S}}_{\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m^-} = \{\tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_{m-1}), \tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_{m-1}+1), \dots, \tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_m^-)\}$ が与えられたと考える．ただし， $\tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_m^-)$ は時点 \tilde{y}_m における予防的殺処分が実施される直前のシステム状態の観測値である．期間 Δ_m の初期時点 \tilde{y}_{m-1} において予防的殺処分を実施した直後におけるシステム状態 $\tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_{m-1})$ の出現確率 $\tilde{p}_h(\tilde{y}_{m-1})$ を与件とする．時点 $\tilde{y}_{m-1}+1$ にシステム状態 $\tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_{m-1}+1)$ が観測される条件付き確率 $\ell^{\tilde{y}_{m-1}}(\tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_{m-1}+1)|\tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_{m-1}), \boldsymbol{\theta})$ を

$$\ell^{\tilde{y}_{m-1}}(\tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_{m-1}+1)|\tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_{m-1}), \boldsymbol{\theta}) = \sum_{h \in \eta^{\tilde{y}_{m-1}}} \sum_{g \in \eta^{\tilde{y}_{m-1}+1}} \tilde{p}_h(\tilde{y}_{m-1}) \prod_{i=1}^N \pi_{s_i^h s_i^g}(\tilde{\mathbf{S}}_h) \quad (3.31)$$

と表す．この時，期間 $[\tilde{y}_{m-1}, \tilde{y}_m^-]$ におけるシステム状態の観測値ベクトル $\tilde{\mathbf{S}}_{\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m^-} = \{\tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_{m-1}), \dots, \tilde{\mathbf{S}}(\tilde{y}_m^-)\}$ が観測される同時生起確率(尤度) $\mathcal{L}(\tilde{\mathbf{S}}_{\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m^-}, \boldsymbol{\theta})$ は離散時点 $t = \tilde{y}_{m-1}$ から $t = \tilde{y}_m - 1$ までの条件付き確率 $\ell^t(\tilde{\mathbf{S}}(t+1)|\tilde{\mathbf{S}}(t), \boldsymbol{\theta})$ の積として

$$\mathcal{L}(\tilde{\mathbf{S}}_{\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m^-}, \boldsymbol{\theta}) = \prod_{t=\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m-1} \ell^t(\tilde{\mathbf{S}}(t+1)|\tilde{\mathbf{S}}(t), \boldsymbol{\theta}) \quad (3.32)$$

で与えられる．したがって，対象期間全体にわたるシステム状態観測ベクトル $\tilde{\mathbf{V}} = (\tilde{\mathbf{S}}_0^{\tilde{y}_1^-}, \dots, \tilde{\mathbf{S}}_M^T)$ が観測できる同時生起確率(尤度)は

$$\mathcal{L}(\tilde{\mathbf{V}}, \boldsymbol{\theta}) = \prod_{m=1}^{M+1} \mathcal{L}(\tilde{\mathbf{S}}_{\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m}, \boldsymbol{\theta}) \quad (3.33)$$

と定義される．ただし，表記の都合上， \tilde{y}_0 は初期時点 $t=0$ ， \tilde{y}_{M+1} は最終時点 $t=T$ であることを意味する．

3.5 感染確率の推計方法

3.5.1 不完備情報下における推計課題

口蹄疫の感染・伝染過程に関する不完備データに基づいて，空間伝染モデルを推計する問題を考える．対象期間 $[0, T]$ にわたって，口蹄疫の発症状態に関するデータ $\hat{\mathbf{u}} = (\hat{\mathbf{u}}^0, \dots, \hat{\mathbf{u}}^T)$ が観測できたと考える．発症データに基づいて離散的時点 t ($t=0, 1, \dots, T$) の中で予防的殺処分が実施された時点を \tilde{y}_m ($m=1, \dots, M$) と表す．さらに，対象期間を予防的殺処分が実施された時点 \tilde{y}_m ($m=1, \dots, M$) に着目して $M+1$ 個の互いに排他

的な期間 $[0, \tilde{y}_1^-], [\tilde{y}_1, \tilde{y}_2^-], \dots, [\tilde{y}_M, T]$ に分割し，式 (3.20)-(3.22) を用いて潜在システム状態ベクトル $\tilde{\mathbf{V}} = (\tilde{\mathbf{S}}_0^{\tilde{y}_1^-}, \dots, \tilde{\mathbf{S}}_{\tilde{y}_M}^T)$ を作成する．各期ごとに尤度 (3.32) を定義し，観測データ全体を対象として尤度関数 (3.33) を定義する．したがって，空間伝染モデルの推計問題は，尤度関数 (3.33) を最大にするようなパラメータベクトル $\boldsymbol{\theta}^*$ を求める問題に帰着する．しかし，尤度関数 (3.33) は，パラメータに関して高次の非線形多項式となっており，1階の最適化条件が (複素数解を含めて) 非常に多くの解を有している²⁵⁾ という問題がある．潜在システム状態の生起確率 $\tilde{p}_h(t)$ ，及び推移確率 $\pi_{s_i^h s_i^g}(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ の推計値は実数解でなければならない．さらに，これらの確率の推計値として，数ある実数解の中から0と1の間にある意味ある解を選択しなければならない．このため，伝統的な最尤法を用いて空間伝染モデルのパラメータを推計することが困難であると言わざるを得ない．これに対して，MCMC法を用いてパラメータのベイズ推計を試みることにより，非線形多項式の解を求める問題を回避することが可能となる．しかし，MCMC法を用いた場合でも，尤度関数 (3.33) が，極めて多くの項を含んでおり，計算量が膨大になってしまう欠点がある²⁶⁾⁻²⁹⁾．さらに，システム状態変数の数が $K = \prod_{i=1}^N (l_i + 3)$ 個あり，事実上すべてのシステム状態を列挙することは不可能である．このようなパラメータ推計上の難点を克服するために，尤度関数の完備化操作が必要となる．

3.5.2 完備化操作

農場 $i \in \Xi$ で時点 \tilde{y}_i に予防的殺処分が実施される場合，時点 $\tilde{y}_i - l_i + 1$ から時点 \tilde{y}_i^- までの間の農場 i のミクロ状態を確定的に特定できない．しかし，時点 \tilde{y}_i^- において未発症であるという情報より，時点 t ($t = \tilde{y}_i - l_i + 1, \dots, \tilde{y}_i^-$) においてミクロ状態変数 $s_i(t)$ がミクロ状態集合 ξ_i^t の中のいずれかの値を取りえることは推測できる．時点 t においてシステム状態を仮想的に設定したシステム状態変数 $\hat{\mathbf{S}}(t) = \{\hat{s}_1(t), \dots, \hat{s}_N(t)\}$ の実現値 (以下，仮想システム状態と呼ぶ) を $\hat{\mathbf{S}}_h = (\hat{s}_1^h, \dots, \hat{s}_N^h)$ と表記する．仮想システム状態を構成するミクロ状態 (以下，仮想ミクロ状態と呼ぶ) \hat{s}_i^h ($i = 1, \dots, N$) の中で，農場 $i \notin \Xi$ の仮想ミクロ状態は，

$$\hat{s}_i^h = \tilde{s}_i(t) \quad (3.34)$$

に一意的に確定する．一方， $i \in \Xi$ の場合には，ミクロ状態 $\tilde{s}_i(t) = \hat{s}_i^h \in \xi_i^t$ ($i \in \Xi^t$) を想定する必要がある．いま，任意の隣接する2つの時点 $t, t+1$ ($\in \Delta_m$) における仮想シス

テム状態を $\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}}, \hat{\mathbf{S}}_{\hat{g}}$ ($\hat{h} \in \eta^t, \hat{g} \in \eta^{t+1}$) とする．仮想システム状態を構成する仮想マイクロ状態 $\hat{s}_i^{\hat{h}}, \hat{s}_i^{\hat{g}}$ は式(5.18)に示した推移関係を満足しなければならない．すなわち，時点 $t \in \Delta_m$ と時点 $t+1 \in \Delta_m$ の仮想マイクロ状態 $\hat{s}_i^{\hat{h}}, \hat{s}_i^{\hat{g}}$ の間に，

$$\begin{cases} \hat{s}_i^{\hat{g}} \leq 1 & \hat{s}_i^{\hat{h}} = 0 \text{ の時} \\ \hat{s}_i^{\hat{g}} = \hat{s}_i^{\hat{h}} + 1 & \iota_i - 1 \geq \hat{s}_i^{\hat{h}} \geq 1 \text{ の時} \\ \hat{s}_i^{\hat{g}} = \hat{s}_i^{\hat{h}} & \hat{s}_i^{\hat{h}} = \iota_i + 2 \end{cases} \quad (3.35)$$

という関係が成立する．ただし， $i \in \Xi^t$ であることより，マイクロ状態 $\hat{s}_i^{\hat{h}} = \iota_i + 1$ は生起しない．つぎに，期間 Δ_m と Δ_{m+1} の接続関係を考える． $t = \tilde{y}_m^-$, $t+1 = \tilde{y}_m$ の場合には， $\hat{\mathbf{S}}(\tilde{y}_m^-) = \hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}}$, $\hat{\mathbf{S}}(\tilde{y}_m) = \hat{\mathbf{S}}_{\hat{g}}$ に対して，

$$\begin{cases} \hat{s}_i^{\hat{g}} = \hat{s}_m^{\hat{h}} & \tilde{y}_m \neq \tilde{y}_i \text{ の時} \\ \hat{s}_i^{\hat{g}} = \iota_i + 2 & \tilde{y}_m = \tilde{y}_i \text{ の時} \end{cases} \quad (3.36)$$

が成立する．このように定義した仮想システム状態の流列 $\hat{\mathbf{S}} = (\hat{\mathbf{S}}_0^{\tilde{y}_1^-}, \dots, \hat{\mathbf{S}}_{\tilde{y}_M}^T)$ に対して尤度関数(3.30)-(3.33)はそれぞれ

$$\ell^t(\hat{\mathbf{S}}_{\hat{g}} | \hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}}, \boldsymbol{\theta}) = \prod_{i=1}^N \pi_{\hat{s}_i^{\hat{h}} \hat{s}_i^{\hat{g}}}(\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}}) \quad (3.37)$$

$$\mathcal{L}(\hat{\mathbf{S}}_{\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m^-} | \boldsymbol{\theta}) = \prod_{t=\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m-1} \ell^t(\hat{\mathbf{S}}_{\hat{g}} | \hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}}, \boldsymbol{\theta}) \quad (3.38)$$

$$\mathcal{L}(\hat{\mathbf{S}}, \boldsymbol{\theta}) = \prod_{m=1}^{M+1} \mathcal{L}(\hat{\mathbf{S}}_{\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m}, \boldsymbol{\theta}) \quad (3.39)$$

と定義される．以上の操作を完備化(completion)という．完備化された尤度関数（以下，完備化尤度関数と呼ぶ）(3.37)-(3.39)の中に含まれるシステム状態は，本来部分的にしか観測できない変数である．不完備情報の下での尤度関数を求めるためには，完備化されたシステム状態の流列が生起する確率分布を推計することが必要となる．

3.5.3 全条件付き事後分布

完備化尤度関数では，システム状態 $\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}}$ は確定的である．ただし，システム状態の生起確率，システム状態の推移確率には未知パラメータ $\boldsymbol{\theta}$ が含まれており，システム状態に関する確率分布を先験的に求めることが出来ない．この問題を克服する

ため，本章ではMCMC法を用いて，反復的に完備化されたシステム状態の流列をランダム発生させ，パラメータ θ をベイズ推計することとする．ベイズ推計の方法については，**3.5.** で議論するが，以下ではシステム状態の確率分布をベイズ推計する際に用いるミクロ状態の全条件事後確率分布 (full conditional posterior distribution) を導出しておく．

いま，時点 t における仮想システム状態を $\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_t}$ と表す．このとき，連続した3つの時点 $t-1, t, t+1$ ($t \in \Delta_m$) において $\hat{\mathbf{S}}_{-\hat{h}_t} = (\hat{\mathbf{S}}_{\hat{y}_{m-1}^-}, \dots, \hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t-1}}, \hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t+1}}, \dots, \hat{\mathbf{S}}_{\hat{y}_m^-}, \hat{\mathbf{S}}_{\hat{y}_m}^h)$ ， $\hat{\mathbf{S}}_{-\hat{h}_t}^h = (\hat{\mathbf{S}}_{\hat{y}_{m-1}^-}, \dots, \hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t-1}}, \mathbf{S}_h, \hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t+1}}, \dots, \hat{\mathbf{S}}_{\hat{y}_m^-})$ を定義する．ここでは，期間 $\Delta_m = [\tilde{y}_{m-1}^-, \tilde{y}_m^-]$ における仮想システム状態の流列に，隣接する期間の時点 $\tilde{y}_{m-1}^-, \tilde{y}_m^-$ のシステム状態を含めた期間 $\bar{\Delta}_m = [\tilde{y}_{m-1}^-, \tilde{y}_m^-]$ を対象とした仮想システム状態を用いることを断っておく．さらに，仮想システム状態 $\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t-1}}$ から到達可能なシステム状態 $\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_t} = (\hat{s}_1^{\hat{h}_t}, \dots, \hat{s}_N^{\hat{h}_t})$ を表す添え字 \hat{h}_t の集合 $\mathcal{R}(\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t-1}})$ を

$$\begin{aligned} \mathcal{R}(\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t-1}}) &= \{ \hat{h}_t \in \eta^t | i \notin \Xi^t \text{ に対して式 (3.34), } i \in \Xi \\ &\quad \text{に対して式 (3.35), (3.36) を満足する} \} \end{aligned} \quad (3.40)$$

と定義する．また，時点 $t+1$ で $\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t+1}}$ に到達可能な時点 t におけるシステム状態 $\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_t} = (\hat{s}_1^{\hat{h}_t}, \dots, \hat{s}_N^{\hat{h}_t})$ を表す添え字 \hat{h}_t の集合 $\mathcal{A}(\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t+1}})$ を

$$\begin{aligned} \mathcal{A}(\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t+1}}) &= \{ \hat{h}_t \in \eta^t | i \notin \Xi^t \text{ に対して式 (3.34), } i \in \Xi \\ &\quad \text{に対して式 (3.35), (3.36) を満足する} \} \end{aligned} \quad (3.41)$$

定義する．このとき $\mathbf{S}_{h_t} = \hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}} \ (\hat{h} \in \{\mathcal{R}(\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t-1}}) \cap \mathcal{A}(\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t+1}})\})$ の全条件付事後確率は，

$$\text{Prob} \left(\mathbf{S}_{h_t} = \hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}} \middle| \hat{\mathbf{S}}_{-\hat{h}_t}^h, \theta \right) = \frac{\mathcal{L}(\hat{\mathbf{S}}_{-\hat{h}_t}^h, \theta)}{\sum_{h \in \mathcal{R}(\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t-1}}) \cap \mathcal{A}(\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_{t+1}})} \mathcal{L}(\hat{\mathbf{S}}_{-\hat{h}_t}^h, \theta)} \quad (3.42)$$

と表される．さらに，式(3.42)を展開すれば，システム状態 $\hat{\mathbf{S}}_{\hat{h}_t} = (\hat{s}_1^{\hat{h}_t}, \dots, \hat{s}_N^{\hat{h}_t})$ を構成する仮想ミクロ状態 $\hat{s}_i \in \xi_i^t \ (i \in \Xi^t)$ の全条件付事後確率は

$$\text{Prob} \left(s_i(t) = \hat{s}_i \middle| \hat{\mathbf{S}}_{-\hat{h}_t}^h, \theta \right) = \frac{\omega_i^{\hat{s}_i^{\hat{h}_{t-1}} \hat{s}_i^{\hat{h}_{t+1}}}}{\sum_{s_i \in \mathcal{R}(\hat{s}_i^{\hat{h}_{t-1}}) \cap \mathcal{A}(\hat{s}_i^{\hat{h}_{t+1}})} \omega_i^{\hat{s}_i^{\hat{h}_{t-1}} \hat{s}_i^{\hat{h}_{t+1}}}} \quad (3.43)$$

と定義できる．ただし，

$$\omega_i^{\hat{s}_i^{\hat{h}_{t-1}} \hat{s}_i^{\hat{h}_{t+1}}} = \begin{cases} \pi_{\hat{s}_i^{\hat{y}_{m-1}^-} \hat{s}_i} \pi_{\hat{s}_i \hat{s}_i^{\hat{y}_{m-1}+1}} & t = \tilde{y}_{m-1} \\ \pi_{\hat{s}_i^{\hat{h}_{t-1}} \hat{s}_i} \pi_{\hat{s}_i \hat{s}_i^{\hat{h}_{t+1}}} & \tilde{y}_{m-1} < t < \tilde{y}_m^- \\ \pi_{\hat{s}_i^{\hat{y}_m^-} \hat{s}_i} \pi_{\hat{s}_i \hat{s}_i^{\hat{y}_m}} & t = \tilde{y}_m^- \end{cases} \quad (3.44)$$

と表される．また， $\mathcal{R}(\hat{s}_i^{\hat{h}_{t-1}})$ ， $\mathcal{A}(\hat{s}_i^{\hat{h}_{t+1}})$ はそれぞれ，

$$\begin{aligned} \mathcal{R}(\hat{s}_i^{\hat{h}_{t-1}}) &= \{ \hat{s}_i \in \xi_i^t | \hat{s}_i^{\hat{h}_{t-1}} \in \xi_i^{t-1} (i \in \Xi^t) \text{ に対して} \\ &\quad \text{式 (3.35), (3.36) を満足する} \} \end{aligned} \quad (3.45)$$

$$\begin{aligned} \mathcal{A}(\hat{s}_i^{\hat{h}_{t+1}}) &= \{ \hat{s}_i \in \xi_i^t | \hat{s}_i^{\hat{h}_{t+1}} \in \xi_i^{t+1} (i \in \Xi^t) \text{ に対して} \\ &\quad \text{式 (3.35), (3.36) を満足する} \} \end{aligned} \quad (3.46)$$

と定義できる．

3.5.4 パラメータの事前分布

空間伝染モデル (3.2) に含まれるパラメータ $\boldsymbol{\theta} = \{\theta_0, \dots, \theta_R | \theta_0 = \gamma, \theta_r = \zeta^r; r = 1, \dots, R\}$ の事前確率密度関数として正規分布を仮定する．すなわち，パラメータ $\boldsymbol{\theta}$ の事前確率密度関数が $\boldsymbol{\theta} \sim \mathcal{N}_{R+1}(\boldsymbol{\zeta}, \boldsymbol{\Sigma})$ である．ただし， $R+1$ 次元正規分布 $\mathcal{N}_{R+1}(\boldsymbol{\zeta}, \boldsymbol{\Sigma})$ の確率密度関数は，

$$\phi(\boldsymbol{\theta} | \boldsymbol{\zeta}, \boldsymbol{\Sigma}) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{R+1}{2}} \sqrt{|\boldsymbol{\Sigma}|}} \exp \left\{ -\frac{1}{2} (\boldsymbol{\theta} - \boldsymbol{\zeta}) \{\boldsymbol{\Sigma}\}^{-1} (\boldsymbol{\theta} - \boldsymbol{\zeta})' \right\} \quad (3.47)$$

となる．ただし， $\boldsymbol{\zeta}$ は $\mathcal{N}_{R+1}(\boldsymbol{\zeta}, \boldsymbol{\Sigma})$ の事前期待値ベクトル， $\boldsymbol{\Sigma}$ は事前分散共分散行列である．パラメータ値は非負の範囲で定義されるが，パラメータ推計値の有意性を分析するために，事前分布としてパラメータが負値をとりうるような事前確率密度関数 $\mathcal{N}_{R+1}(\boldsymbol{\zeta}, \boldsymbol{\Sigma})$ を想定している．完備化事後確率密度関数 $\psi(\boldsymbol{\theta} | \hat{\boldsymbol{S}})$ は，

$$\begin{aligned} \psi(\boldsymbol{\theta} | \hat{\boldsymbol{S}}) &\propto \mathcal{L}(\hat{\boldsymbol{S}}, \boldsymbol{\theta}) \phi(\boldsymbol{\theta} | \boldsymbol{\zeta}, \boldsymbol{\Sigma}) \\ &\propto \prod_{m=1}^{M+1} \prod_{t=\tilde{y}_{m-1}^-}^{\tilde{y}_m^-} \prod_{i=1}^N \pi_{\hat{s}_i^{\hat{h}_t} \hat{s}_i^{\hat{h}_{t+1}}}(\hat{s}_{\hat{h}_t}) \\ &\quad \exp \left\{ -\frac{1}{2} (\boldsymbol{\theta} - \boldsymbol{\zeta}) \{\boldsymbol{\Sigma}\}^{-1} (\boldsymbol{\theta} - \boldsymbol{\zeta})' \right\} \end{aligned} \quad (3.48)$$

となる．

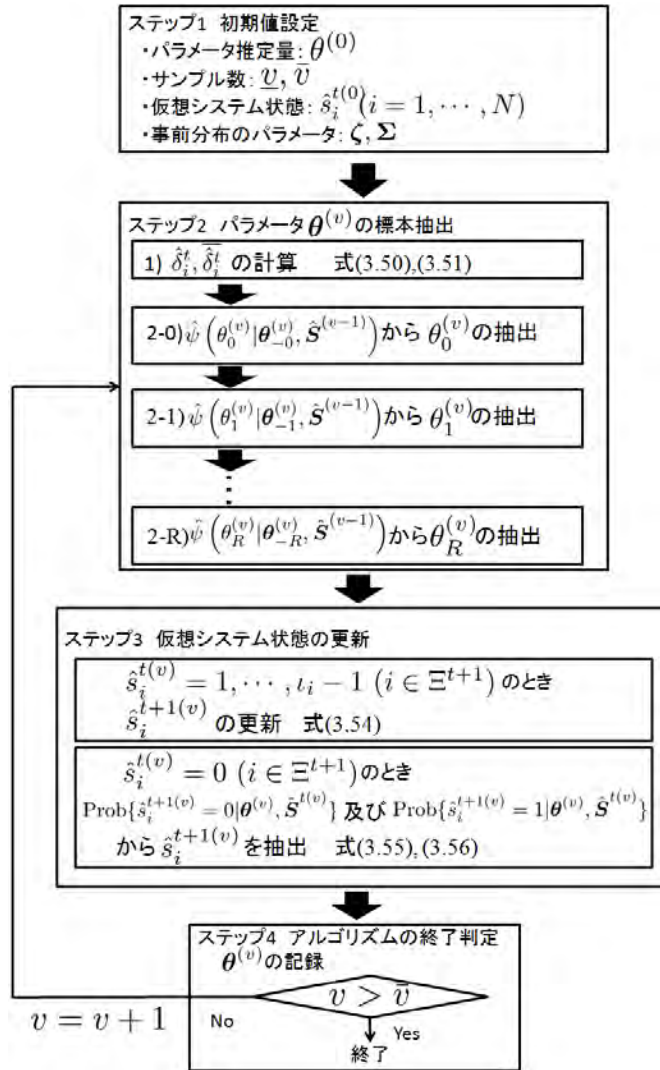


図-3.5 推計アルゴリズム

3.5.5 ギブスサンプリング

空間伝染モデルでは，事後確率密度関数 $\psi(\theta | \hat{S})$ を直接解析的に求めることができない．そこで，代表的なMCMC法であるギブスサンプリング法³⁰⁾を用いて，パラメータ θ の標本サンプルを事後確率密度関数(3.48)から抽出する．また，仮想マイクロ状態 $\hat{s}_i \in \xi_i^t (i \in \Xi^t)$ の全条件付事後分布は式(3.43)で表される．ギブスサンプラーを用いたMCMC法により，空間伝染モデルを推計することが可能となる．図-3.5に，空間伝染モデルをベイズ推計するための具体的手順を整理している．読者の便宜を図るために，同図中には，推計法の詳細を説明する節番号や式番号を明記している．以下では，以上の各ステップの内容を，より詳細に説明する．

ステップ1 初期値設定

事前分布 (3.47) のパラメータベクトル (行列) ζ, Σ の値を任意に設定する．記述の便宜上, \tilde{y}_m ($m=1, \dots, M$) を考慮した離散的時間軸 $t=0, \dots, \tilde{y}_m, \tilde{y}_m, \dots, T$ を考える．仮想システム状態の初期値 $\hat{\mathbf{S}}^{(0)} = (\hat{\mathbf{S}}^{t(0)} : t=0, \dots, T)$ を設定する．ただし, $\hat{\mathbf{S}}^{t(0)} = (\hat{s}_1^{t(0)}, \dots, \hat{s}_N^{t(0)})$ であり, 仮想マイクロ状態 $\hat{s}_i^{t(0)}$ ($i=1, \dots, N; t=0, \dots, T$) は推移条件 (3.34)-(3.36) を満足する．パラメータ推計量の初期値 $\theta^{(0)}$ を任意に設定する．これらの初期値の影響は, MCMC 法によるシミュレーション回数が蓄積されるにつれ, 次第に薄れていく．MCMC のサンプル標本回数 v を $v=1$ とする．

ステップ2 パラメータ $\theta^{(v)}$ の標本抽出

仮想システム状態 $\hat{\mathbf{S}}^{(v-1)}$ を与件とし, 空間伝染モデルのパラメータ $\theta^{(v)} = (\theta_0^{(v)}, \dots, \theta_R^{(v)})$ に関する標本を獲得する．ステップ2で用いるギブスサンプラーは式 (3.48) で表される完備化条件付事後密度関数 $\psi(\theta^{(v)} | \hat{\mathbf{S}}^{(v-1)})$ を用いて定義できる．仮想システム状態 $\hat{\mathbf{S}}^{(v-1)}$ を与件とする $\theta^{(v)}$ の完備化されたギブスサンプラーは

$$\begin{aligned} & \psi(\theta^{(v)} | \hat{\mathbf{S}}^{(v-1)}) \\ & \propto \prod_{m=1}^{M+1} \prod_{t=\tilde{y}_{m-1}}^{\tilde{y}_m-1} \prod_{i=1}^N \left[\rho_i(\hat{\mathbf{S}}^{t(v-1)}, \theta^{(v)})^{\bar{\delta}_i^t} \right. \\ & \quad \left. \times \{1 - \rho_i(\hat{\mathbf{S}}^{t(v-1)}, \theta^{(v)})\}^{\delta_i^t} \right] \\ & \quad \times \exp \left\{ -\frac{1}{2} (\theta^{(v)} - \zeta) \{\Sigma\}^{-1} (\theta^{(v)} - \zeta)' \right\} \end{aligned} \quad (3.49)$$

となる．ただし, $\rho_i(\hat{\mathbf{S}}^{t(v-1)}, \theta)$ は式 (3.2) で定義される口蹄疫感染確率, $\hat{\delta}_i^t, \bar{\delta}_i^t$ は

$$\hat{\delta}_i^t = \begin{cases} 1 & \hat{s}_i^{t(v-1)} = 0, \hat{s}_i^{t+1(v-1)} = 0 \text{ の時} \\ 0 & \text{それ以外の時} \end{cases} \quad (3.50)$$

$$\bar{\delta}_i^t = \begin{cases} 1 & \hat{s}_i^{t(v-1)} = 0, \hat{s}_i^{t+1(v-1)} = 1 \text{ の時} \\ 0 & \text{それ以外の時} \end{cases} \quad (3.51)$$

となるダミー変数である．さらに, 未知パラメータベクトル θ から第 r ($r=0, \dots, R$) 要素 θ_r を除いた未知パラメータベクトルを θ_{-r} と表す．この時, 式 (3.49) より, $\theta_{-r}^{(v)} = \{\theta_0^{(v)}, \dots, \theta_{r-1}^{(v)}, \theta_{r+1}^{(v-1)}, \dots, \theta_R^{(v-1)}\}$ を既知とした時の θ_r のギブスサンプラー $\psi(\theta_r^{(v)} | \theta_{-r}^{(v)}, \hat{\mathbf{S}}^{(v-1)})$

は

$$\begin{aligned}
& \psi(\theta_r^{(v)} | \boldsymbol{\theta}_{-r}^{(v)}, \hat{\mathbf{S}}^{(v-1)}) \\
& \propto \prod_{m=1}^{M+1} \prod_{t=\tilde{y}_{m-1}^-}^{\tilde{y}_m^- - 1} \prod_{i=1}^N \left[\rho_i(\hat{\mathbf{S}}_h^{(v-1)}, \boldsymbol{\theta}^{(v)})^{\bar{\delta}_i^t} \right. \\
& \quad \left. \times \{1 - \rho_i(\hat{\mathbf{S}}_h^{(v-1)}, \boldsymbol{\theta}^{(v)})\}^{\delta_i^t} \right] \\
& \quad \times \exp \left\{ -\frac{\sigma_{rr}}{2} (\theta_r^{(v)} - \hat{\zeta}_r)^2 \right\}
\end{aligned} \tag{3.52}$$

$$\text{ただし, } \hat{\zeta}_r = \zeta_r + \sum_{e=0, \neq r}^R (\theta_e^{(v)} - \zeta_e) \sigma_{er}$$

と表せる． ζ_r は事前期待値ベクトル $\boldsymbol{\zeta}$ の第 r 要素であり， σ_{er} は事前分散共分散行列 $\boldsymbol{\Sigma}^{-1}$ の第 (e, r) 要素である．また， $\sum_{h=0, \neq r}^R$ は 0 から R までの要素のうち r を除いた要素の総和を意味する．この時， $\boldsymbol{\theta}^{(v)} = (\theta_0^{(v)}, \dots, \theta_R^{(v)})$ を以下の手順でランダムサンプリングする．

- ・ステップ 2-0 $\hat{\psi}(\theta_0^{(v)} | \boldsymbol{\theta}_{-0}^{(v)}, \hat{\mathbf{S}}^{(v-1)})$ から $\theta_0^{(v)}$ を乱数発生する．
- ・ステップ 2-1 $\hat{\psi}(\theta_1^{(v)} | \boldsymbol{\theta}_{-1}^{(v)}, \hat{\mathbf{S}}^{(v-1)})$ から $\theta_1^{(v)}$ を乱数発生する．
- ・以下，同様の手順を繰り返す．
- ・ステップ 2-R $\hat{\psi}(\theta_R^{(v)} | \boldsymbol{\theta}_{-R}^{(v)}, \hat{\mathbf{S}}^{(v-1)})$ から $\theta_R^{(v)}$ を乱数発生する．

なお，本章では，適応的棄却サンプリング³¹⁾を用いて，式 (3.52) からパラメータ $\boldsymbol{\theta}$ をサンプリングする．

ステップ 3 仮想システム状態の更新

記述の便宜上，再び \tilde{y}_m^- ($m = 1, \dots, M$) を考慮した離散的時間軸 $t = 0, \dots, \tilde{y}_m^-, \tilde{y}_m, \dots, T$ を考える．

時点 $t = 0$ より，逐次的に仮想システム状態 $\hat{\mathbf{S}}^{t(v)}$ ($t = 0, 1, \dots, T$) を求める．仮想システム状態 $\hat{\mathbf{S}}^{0(v)}, \dots, \hat{\mathbf{S}}^{t(v)}$ が確定している場合の $\hat{\mathbf{S}}^{t+1(v)}$ への推移を考える．仮想マイクロ状態 $\hat{s}_i^{t+1(v)}$ ($i \notin \Xi^{t+1}$) に関しては，マイクロ状態の観測値 $\tilde{s}_i(t+1)$ より

$$\hat{s}_i^{t+1(v)} = \tilde{s}_i(t+1) \tag{3.53}$$

が成立する．農場 $i \in \Xi^{t+1}$ において，時点 t の仮想マイクロ状態が $\hat{s}_i^{t(v)} = 1, \dots, l_i - 1$ である場合，時点 $t+1$ の仮想マイクロ状態 $\hat{s}_i^{t+1(v)}$ は，

$$\hat{s}_i^{t+1(v)} = \hat{s}_i^{t(v)} + 1 \tag{3.54}$$

と表される．一方， $i \in \Xi^{t+1}$ で，かつ $\hat{s}_i^{t(v)} = 0$ の場合には， $\hat{s}_i^{t+1(v)}$ の全条件付事後確率は，

$$\text{Prob}\{\hat{s}_i^{t+1(v)} = 0 | \boldsymbol{\theta}^{(v)}, \hat{\mathbf{S}}^{t(v)}\} = 1 - \rho_i(\hat{\mathbf{S}}^{t(v)}, \boldsymbol{\theta}^{(v)}) \quad (3.55)$$

$$\text{Prob}\{\hat{s}_i^{t+1(v)} = 1 | \boldsymbol{\theta}^{(v)}, \hat{\mathbf{S}}^{t(v)}\} = \rho_i(\hat{\mathbf{S}}^{t(v)}, \boldsymbol{\theta}^{(v)}) \quad (3.56)$$

と定義できる．式(3.55),(3.56)に従って $\hat{s}_i^{t+1(v)}$ をランダムサンプリングする．以上の方法により， $t=0$ より逐次，仮想ミクロ状態変数 $\hat{\mathbf{S}}^{t(v)}$ を求める．仮想システム状態 $\hat{\mathbf{S}}^{(v)}$ を求め，次のステップに進む．

ステップ4 アルゴリズムの終了判定

パラメータ推計量の更新値 $\boldsymbol{\theta}^{(v)}$ ，仮想変数の更新値 $\hat{\mathbf{S}}^{(v)}$ を記録する． $v < \bar{v}$ の場合， $v = v+1$ とし**ステップ2**へ戻る．そうでない場合，アルゴリズムを終了する．

3.5.6 事後分布に関する統計量

MCMC法を用いた場合，パラメータの事後確率密度関数 $\psi(\boldsymbol{\theta} | \hat{\mathbf{S}})$ を解析的な関数として表現することはできない．得られた標本を用いてノンパラメトリックに分布関数や密度関数を推計することとなる．いま，ギブスサンプリングから得られた標本を $\boldsymbol{\theta}^{(v)}$ ($v=1, \dots, \bar{v}$)と表そう．このうち，最初の \underline{v} 個の標本は収束過程からの標本と考え，標本集合から除去する．その上で，パラメータの標本添字集合を $\mathcal{M} = \{\underline{v}+1, \dots, \bar{v}\}$ と定義する．まず，パラメータ $\boldsymbol{\theta}$ の同時確率分布関数 $G(\boldsymbol{\theta})$ は，

$$G(\boldsymbol{\theta}) = \frac{\#(\boldsymbol{\theta}^{(v)} \leq \boldsymbol{\theta}, v \in \mathcal{M})}{\bar{v} - \underline{v}} \quad (3.57)$$

と表すことができる．ただし， $\#(\boldsymbol{\theta}^{(v)} \leq \boldsymbol{\theta}, v \in \mathcal{M})$ は論理式 $\boldsymbol{\theta}^{(v)} \leq \boldsymbol{\theta}, n \in \mathcal{M}$ が成立するサンプルの総数である．また，パラメータ $\boldsymbol{\theta}$ の事後分布の期待値ベクトル $\hat{\boldsymbol{\zeta}}(\boldsymbol{\theta})$ ，分散・共分散行列 $\hat{\boldsymbol{\Sigma}}(\boldsymbol{\theta})$ は，それぞれ

$$\begin{aligned} \hat{\boldsymbol{\zeta}}(\boldsymbol{\theta}) &= (\hat{\zeta}(\theta_0), \dots, \hat{\zeta}(\theta_R))' \\ &= \left(\sum_{v=\underline{v}+1}^{\bar{v}} \frac{\theta_0^{(v)}}{\bar{v} - \underline{v}}, \dots, \sum_{v=\underline{v}+1}^{\bar{v}} \frac{\theta_R^{(v)}}{\bar{v} - \underline{v}} \right)' \end{aligned} \quad (3.58)$$

$$\hat{\boldsymbol{\Sigma}}(\boldsymbol{\theta}) = \begin{pmatrix} \hat{\sigma}^2(\theta_0) & \cdots & \hat{\sigma}(\theta_0 \theta_R) \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \hat{\sigma}(\theta_R \theta_0) & \cdots & \hat{\sigma}^2(\theta_R) \end{pmatrix} \quad (3.59)$$

と表される．ただし，

$$\hat{\sigma}^2(\theta_z) = \sum_{v=\underline{v}+1}^{\bar{v}} \frac{\{\theta_z^{(v)} - \hat{\zeta}(\theta_z)\}^2}{\bar{v} - \underline{v}} \quad (3.60)$$

$$\hat{\sigma}(\theta_z \theta_r) = \sum_{v=\underline{v}+1}^{\bar{v}} \frac{\{\theta_z^{(v)} - \hat{\zeta}(\theta_z)\} \{\theta_r^{(v)} - \hat{\zeta}(\theta_r)\}}{\bar{v} - \underline{v}} \quad (3.61)$$

である．また，ギブスサンプリングによる標本を用いて，パラメータ θ の信用区間を定義できる．たとえば，パラメータ θ の $100(1 - 2\varepsilon)\%$ 信用区間は，標本順序統計量 $(\underline{\theta}_z^\varepsilon, \bar{\theta}_z^\varepsilon)$ ($z = 0, \dots, R$)

$$\underline{\theta}_z^\varepsilon = \arg \max_{\theta_z^*} \left\{ \frac{\#(\theta_z^{(v)} \leq \theta_z^* \in \mathcal{M})}{\bar{v} - \underline{v}} \leq \varepsilon \right\} \quad (3.62)$$

$$\bar{\theta}_z^\varepsilon = \arg \min_{\theta_z^{**}} \left\{ \frac{\#(\theta_z^{(v)} \geq \theta_z^{**} \in \mathcal{M})}{\bar{v} - \underline{v}} \leq \varepsilon \right\} \quad (3.63)$$

を用いて $\underline{\theta}_z^\varepsilon < \theta_z < \bar{\theta}_z^\varepsilon$ と定義できる．

MCMC法では，初期パラメータ値 $\theta^{(0)}$ が不変分布である事後分布からの標本である保証はない．ギブスサンプリングで発生させた \bar{v} 個のサンプルのうち，最初の \underline{v} 個の標本 $\theta^{(v)}$ ($v = 1, \dots, \underline{v}$) を事後分布に収束する過程からのサンプリングと考える．その上で，第 $\underline{v}+1$ 回以降の標本をとりあげよう． $\underline{v}+1$ 以降の標本が，不変分布である事後分布からの標本であるかどうかを Geweke の方法³²⁾を用いて仮説検定を試みる．いま，パラメータのギブス標本 $\theta^{(v)}$ ($v = 1, \dots, \bar{v}$) の中から，最初の v_1 個と最後の v_2 個のデータを取りあげよう．Geweke は， $v_1 = 0.1(\bar{v} - \underline{v})$, $v_2 = 0.5(\bar{v} - \underline{v})$ を推奨している³²⁾．この時，パラメータ θ の不変分布への収束を判断するための Geweke 検定統計量は，

$$Z_{\theta_z} = \frac{{}_1\bar{\theta}_z - {}_2\bar{\theta}_z}{\sqrt{\nu_1^2(\theta_z) + \nu_2^2(\theta_z)}} \sim \mathcal{N}(0, 1) \quad (3.64)$$

$${}_1\bar{\theta}_z = \frac{\sum_{v=\underline{v}+1}^{\underline{v}+v_1} \theta_z^{(v)}}{v_1} \quad {}_2\bar{\theta}_z = \frac{\sum_{v=\bar{v}-v_2+1}^{\bar{v}} \theta_z^{(v)}}{v_2}$$

$$\nu_1^2(\theta_z) = \frac{2\pi \hat{f}_{\theta_z}^1(0)}{v_1} \quad \nu_2^2(\theta_z) = \frac{2\pi \hat{f}_{\theta_z}^2(0)}{v_2}$$

と定義できる．ただし， $f_{\theta_z}^l(x)$ ($l = 1, 2$) はスペクトル密度関数であり， $2\pi f_{\theta_z}^l(0)$ の推定値は

$$2\pi \hat{f}_{\theta_z}^l(0) = {}_l\hat{\omega}_0 + 2 \sum_{s=1}^q w(s, q) {}_l\hat{\omega}_z \quad (3.65)$$

$${}_1\hat{\omega}_0 = v_1^{-1} \sum_{v=\underline{v}+1}^{\underline{v}+v_1} (\theta_z^{(v)} - {}_1\bar{\theta}_z)^2$$

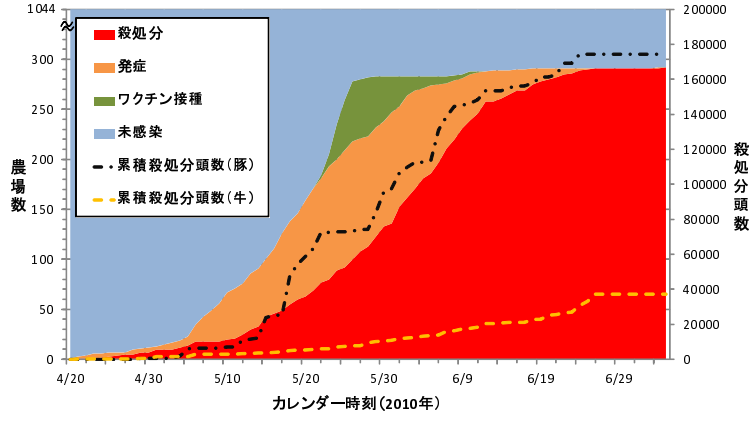


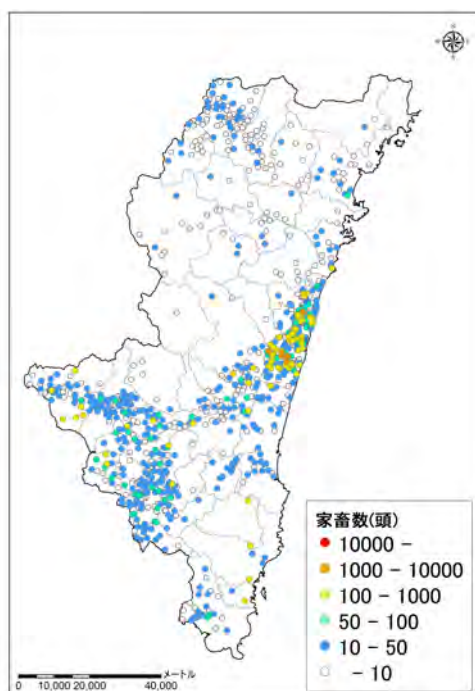
図-3.6 患畜数，殺処分数の経過

$$\begin{aligned}
{}_2\hat{\omega}_0 &= v_2^{-1} \sum_{v=\bar{v}-v_2+1}^{\bar{v}} (\theta_z^{(v)} - {}_2\bar{\theta}_z)^2 \\
{}_1\hat{\omega}_z &= v_1^{-1} \sum_{v=\underline{v}+s+1}^{\underline{v}+v_1} (\theta_z^{(v)} - {}_1\bar{\theta}_z)(\theta_z^{(v-s)} - {}_1\bar{\theta}_z) \\
{}_2\hat{\omega}_z &= v_2^{-1} \sum_{v=\bar{v}-v_2+s+1}^{\bar{v}} (\theta_z^{(v)} - {}_2\bar{\theta}_z)(\theta_z^{(v-s)} - {}_2\bar{\theta}_z) \\
w(s, q) &= 1 - \frac{s}{q+1}
\end{aligned}$$

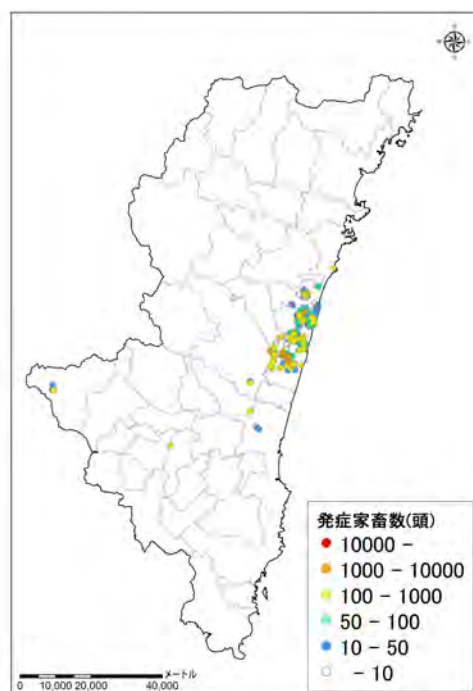
として求まる^{33), 34)}. q はスペクトル密度の近似度を表すパラメータであるが, Geweke に従って20を採用する³²⁾. ここで, θ_z の不変分布への収束性に関する帰無仮説 H_0 と対立仮説 H_1 を

$$\begin{cases} H_0 : |Z_{\theta_z}| \leq Z_{\epsilon/2} \\ H_1 : |Z_{\theta_z}| > Z_{\epsilon/2} \end{cases} \quad (3.66)$$

と設定する. ただし, $Z_{\epsilon/2}$ は帰無仮説を棄却するための臨界的な値である. 有意水準 $\epsilon\%$ で帰無仮説を仮説検定する場合, $Z_{\epsilon/2}$ は $\epsilon/2 \times 0.01 = 1 - \Phi(Z_{\epsilon/2})$ を満足する値として定義できる. ただし, $\Phi(Z)$ は標準正規分布の分布関数である.



(a) 家畜数分布（牛）



(b) 発症家畜数分布（牛）

図-3.7 対象地域における家畜数, 発症家畜数の空間分布

(2005年農林業センサス及び農林水産省のHP (http://www.maff.go.jp/j/syouan/douei/katiku_yobo/k.fmd/) より筆者らが作成)

3.6 ケーススタディ

3.6.1 適用事例

本章では、2010年に宮崎県で発生した口蹄疫の発症事例データを用いて口蹄疫の空間伝染モデルを推計する。農林水産省は、口蹄疫の発症農場とその対応実績をHP上に公開している。これらの情報により、口蹄疫に感染した家畜頭数、家畜の種類、感染発覚日、殺処分実施日、ワクチン投入日に関する情報が入手可能である。また、本章では、2005年度の宮崎県の農林業センサス（集落別）データを用いて、農場の位置情報に関するデータベースを作成した。ただし、同センサスでは、畜産農家に関する情報を集落単位に集計化しており、各個別の畜産農家に関する情報は入手可能ではない。このため、発症していない農場の位置や家畜頭数、家畜の種類に関する情報が得られない。そこで、口蹄疫に感染していない畜産農家は、全て

集落の面積データの重心位置に立地していると仮定する．以上の情報に基づいて，宮崎県内における全ての農場の位置情報，家畜頭数，家畜の種類に関するデータベースを作成するとともに，最初の口蹄疫の感染発覚日を初期時点 $t=0$ として終息日 $t=T$ に至るまでの対象地域における口蹄疫発症状態に関する時系列データを作成した．なお，今回対象とする農場総数は $N=1044$ であり，終息日は $T=77$ (日)である．宮崎県の口蹄疫の発症事例では，2010年3月26日に発症が疑われる家畜が確認された．4月20日に疫学検査により，口蹄疫の発症が確認され，同日，最初の患畜および疑似患畜の殺処分が実施された³⁵⁾．**図-3.6**は，対象地域において口蹄疫の発症が確認された農場数，殺処分を実施した農場数(発症が確認された後殺処分された農場数のみ)，ワクチン接種を実施した農場数(ワクチン接種後に発症が確認された農場数のみ)の時間的分布及び，上記農場を対象とした牛・豚それぞれの累積殺処分家畜数を表している．本適用事例で推計する空間伝染モデルは，牛と豚の双方の感染確率を同時に求めることが可能であるが，以下の考察では，空間的な伝染確率に焦点を絞るため，飼育農場が宮崎県全域に広がっている牛の感染確率を中心に議論を進めることとする．なお，**図-3.7**は2010年宮崎県の事例における家畜(牛)数，および発症した家畜(牛)数の空間分布を表している．口蹄疫の疑似患畜の殺処分については，第1～第6例目までは小規模であり，迅速な措置が行われたが，第7例目(4/26確認，牛725頭)，第8例目(4/28確認，牛1,019頭)の大規模農場への感染，第10例目(4/28確認)の豚への感染が確認された時期以降，殺処分・埋却に遅れが出てきている．この殺処分の遅れや豚への感染により，発生地域でのウイルス量は爆発的に増加したと推測され，更に感染拡大が加速した³⁵⁾．以上の事態を踏まえ，5月22日より口蹄疫に感染した危険性のある家畜に対しては，すべてワクチンが接種されることとなった．**3.2.2**で述べたように，ワクチンを接種した家畜は，患畜・疑似患畜と認定されたことに他ならず，将来，殺処分の対象となる．予防的殺処分を即座に実施できる状態が整っていれば，感染が疑われる家畜に対してワクチンを接種する必要はない．しかし，現実には，1日あたりに実施可能な殺処分数に限界があるため，殺処分の実施に遅れが生じている．このような殺処分の遅延による感染拡大化を阻止するために，ワクチン投与は有効な手段である．ワクチン接種以降，飛び火的に感染した数例を除くと，新たな感染はなくなり，殺処分・埋却の防疫措置が6月30日に終了した．移動・搬出制限区域は家伝法に基づき順次解除され，7月27日には県内全域での制限区域が解除されている³⁵⁾．

表-3.1 パラメータの推計結果

	期待値	信用区間	Geweke 統計量
θ_0	1.07	(0.985,1.157)	0.109
θ_1	0.00601	(0.00422,0.00781)	-0.364
θ_2	0.000801	(0.000619,0.000982)	0.720

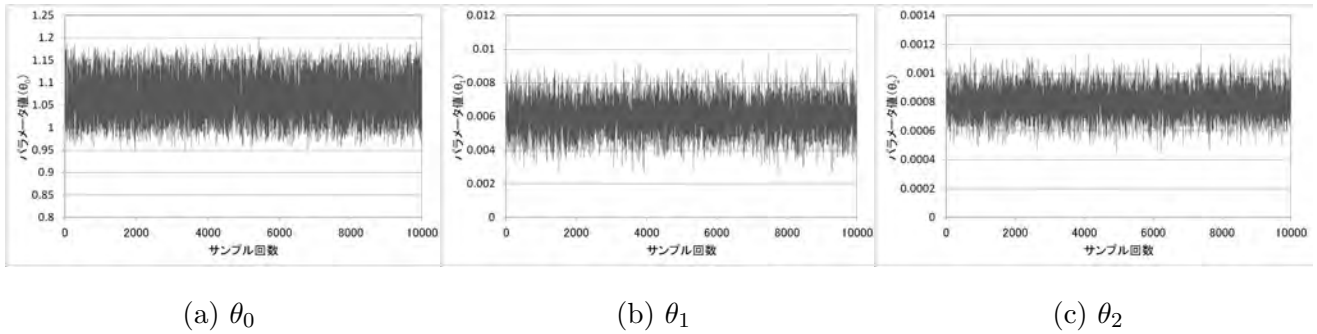


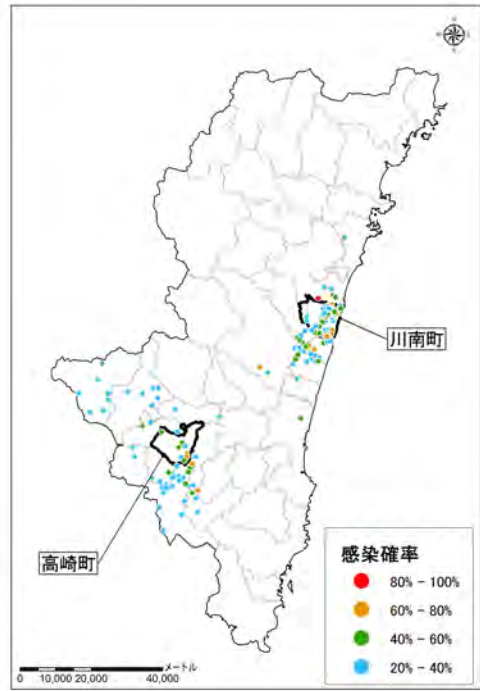
図-3.8 パラメータサンプリングの結果

3.6.2 推計結果

口蹄疫の潜伏期間長に関して、牛6.2日、豚10.6日と報告されている³⁶⁾。モデル推計にあたっては潜伏期間長を日単位としているため、それぞれ7日、11日に設定した。以上のデータに基づいて求めた空間伝染モデルのパラメータ推計値を、一括して表-3.1に示している。表-3.1の第2列は、MCMC過程で発生した各パラメータサンプルの期待値を示している。また、第3列は、式(3.62),(3.63)を用いて算出した95%信用区間を示している。各パラメータ値の95%信用区間の中には0が含まれていない。第4列は、Geweke検定統計量を示している。パラメータサンプリングにおいては、各パラメータに対して1万個のサンプルを発生させたが、はじめの2000個のサンプルは定常過程への収束段階のサンプルと考え、パラメータの統計量算定の対象から除外した。同表に示すように、Geweke検定統計量の絶対値はいずれも1.96を下回っており、有意水準5%で「MCMC法によるパラメータサンプリング過程が定常状態に収束している」という仮説を棄却できない。図-3.8には3つのパラメータサンプリングの結果を示している。空間伝染モデルにはパラメータサンプルの期待値を用



(a) 初期対応期間が0日の場合



(b) 初期対応期間が4週間の場合

図-3.9 第15週空間伝染リスク(牛)

いる．以上のような手順で推計した空間伝染モデルは

$$\rho_i(\mathbf{S}_h) = 1 - \exp \left\{ - \left(0.00601m_i^1 + 0.000801m_i^2 \right) \sum_{j \in J(\mathbf{S}_h)} d_{ij}^{-1.07} \right\} \quad (3.67)$$

と表すことができる．

3.6.3 分析結果の考察

3.6.4 伝染リスク評価への適用

口蹄疫の空間伝染モデルの適用範囲は多様であるが，口蹄疫に対する地域防疫計画を策定する場合，本モデルは口蹄疫の伝染リスクを評価するために重要な役割を果たすことになる．本モデルを用いた地域防疫計画の策定方法に関する議論は，本論文の域を超えているが，以下では本モデルの適用事例として，口蹄疫の空間伝染リスクの評価問題を取りあげる．宮崎県の事例においては，初期対応の遅れが指摘されたが，本モデルを用いて初期対応の迅速性が口蹄疫の空間伝染に及

ばす影響について分析することとする．時点 $t=0$ において，宮崎県の事例と同一の農場において口蹄疫の初期感染が確認されたと考える．対象期間中の各時点における口蹄疫の空間伝染リスクを評価するために，最初の発症事例が観察されてから，殺処分の実施が実施されるまでの一定期間（以下，初期対応期間と呼ぶ）にわたり未処置のまま時間が経過し，そののち口蹄疫の発症が確認された農場において，直ちに殺処分がされるようなシナリオを考える．ただし，地域の殺処分能力に制約がなく，予防的殺処分等，口蹄疫の拡大を防止するための政策的措置は講じないと仮定する．

このような口蹄疫の空間伝染過程はマルコフ連鎖モデル(4.23)を用いて定式化できる．しかし，本適用事例の場合，システム状態変数 S_h の個数は $\prod_{i=1}^{1044} (l_i + 3)$ となり，システム状態変数をすべて列挙することは事実上不可能である．したがって，システム状態の生起確率をマルコフ連鎖モデルを用いて計算することは不可能であると言わざるをえない．しかしながら，モンテカルロシミュレーションを通じて各農場ごとにミクロ状態が生起する確率を求めることは可能である．いま， W 回にわたって，対象地域における感染過程の実現サンプルを表す仮想システム状態をランダム発生させることを考える． w ($w=1, \dots, W$) 回目の施行において，時点 $t=0$ より，逐次，仮想システム状態 $\hat{\mathbf{S}}^{t(w)}$ ($t=0, 1, \dots, T$) を求める． $\hat{\mathbf{S}}^{0(w)}, \dots, \hat{\mathbf{S}}^{t(w)}$ が求まったと考える．式(3.53),(3.54),(3.55),(3.56)を用いて，仮想ミクロ状態変数 $\hat{\mathbf{S}}^{t+1(w)} = (\hat{s}_1^{t+1(w)}, \dots, \hat{s}_N^{t+1(w)})$ を求める．以上の手順により，仮想システム状態サンプル $\hat{\mathbf{S}}^{(w)} = \{\hat{\mathbf{S}}^{0(w)}, \dots, \hat{\mathbf{S}}^{T(w)}\}$ ($w=1, \dots, W$) を求めることができる．この時，時点 t において農場 i が口蹄疫に未感染である確率 $p_i(t)$ は

$$p_i(t) = \frac{\#\{w \in \{1, \dots, W\} | \hat{s}_i^{t(w)} = 0\}}{W} \quad (3.68)$$

と表すことができる．一方，時点 t までに感染した累積確率 $\bar{p}_i(t)$ は

$$\bar{p}_i(t) = 1 - p_i(t) \quad (3.69)$$

と定義される．

初期対応の速度が口蹄疫の伝染リスクに及ぼす影響を分析するために，初期対応期間として1) 時間遅れがない場合，2) 対応が4週間遅延した場合という2ケースを想定する．シミュレーションでは，シミュレーション回数 $W=1000$ 回，シミュレーション期間 $T=115$ 日(15週)に設定した．宮崎県の事例では，約15週間で口蹄疫の感染が

終息しており、本適用事例においてもシミュレーション期間を15週間に設定している。図-3.9は、初期対応期間を0日、あるいは4週間に設定したそれぞれの2ケース対して、シミュレーション期間の終端時点 $T=115$ 日目における口蹄疫の空間伝染リスク(感染確率)を評価した結果を示している。対象とする家畜は牛である。なお、口蹄疫の発症が観察された農場の家畜は、直ちに殺処分されると仮定している。2つの図を比較することにより、初期対応期間が長引き殺処分が遅れることにより、空間伝染リスクが広範囲にわたり増加することが理解できる。図-3.9(a)に示すように、初期時点において、発症農場における家畜の殺処分を実施したとしても、口蹄疫の発症が観察された農場に近接する地域(宮崎県の海岸沿いの中央部に位置する川南町付近)においては、口蹄疫の伝染確率が20%以上の農場が存在している。さらに、図-3.9(b)に示すように、初期対応期間に4週間を必要とした場合には、川南町だけでなく、高崎町においても40%以上の伝染確率を示しており、初期対応の遅れにより広域にわたって伝染リスクが増加することが理解できる。モンテカルロシミュレーションでは初期発生農場として宮崎県で発生した最初の発症が確認された農場を用いている。口蹄疫の発生が疑われる事例が発生してから、口蹄疫の陽性反応が確認された4月20日までに約4週間が経過しており、シミュレーションで示した初期対応期間が4週間のケースは現実が発生した状況と類似した条件であり、シミュレーション結果は現実の発症パターンと類似した結果が得られている。このように初期対応の遅れは、広域にわたって伝染リスクを増加させることとなる。しかしながら、図-3.9(a)に示したように、迅速に初期対応が実施されたとしても、口蹄疫の感染を完全に抑止することは不可能であり、予防的殺処分等による感染拡大を抑止する施策を実施することが不可欠である。

なお、宮崎県の事例では、殺処分能力や埋設箇所等の容量に限界があり、殺処分の実施に遅延が生じ口蹄疫の伝染拡大を招いた。口蹄疫の伝染を効果的に抑止するためには、各種の防疫施策や機材、人的資源の調達、事前の合意形成等の地域防疫計画を作成しておくことが重要である。本章の最終目的な口蹄疫災害リスクマネジメントの方法論を開発することにあるが、本論文で提案した口蹄疫空間伝染モデルは口蹄疫伝染リスク評価のための重要な役割を果たすことが期待できる。

参考文献

- 1) 和合肇: ベイズ計量経済分析, マルコフ連鎖モンテカルロ法とその応用, 東洋経済新報社, 2005.
- 2) 伊庭幸人: 計算統計学のフロンティアー計算統計II, マルコフ連鎖モンテカルロ法とその周辺, 岩波書店, 2005.
- 3) Kermack, W.O. and McKendrick, A.G.: Contributions to the mathematical theory of epidemics I, *Proceedings of the Royal Society* 115A, pp.700-721, 1927. (reprinted in *Bulletin of Mathematical Biology*, Vol.53(1/2), pp.33-55, 1991.)
- 4) Diekmann, O., Heesterbeek, J.A.P. and Metz, J.A.J.: On the definition and the computation of the basic reproduction ratio R_0 in models for infectious diseases in heterogeneous populations, *Journal of Mathematical Biology*, Vol.28, pp.365-382, 1990.
- 5) Dietz, K.: The estimation of the basic reproduction number for infectious diseases, *Statistical Methods in Medical Research*, Vol.2, pp.23-41, 1993.
- 6) Heesterbeek, J.A.P.: A brief history of R_0 and a recipe for its calculation, *Acta Biotheoretica*, Vol.50, pp.189-204, 2002.
- 7) Inaba, H. and Sekine, H.: A mathematical model for Chagas disease with infection-agedependent infectivity, *Mathematical Bioscience*, Vol.190, pp.39-69, 2004.
- 8) May, R.M. and Lloyd, A.L.: Infection dynamics on scale-free network, *Physical Review, E*, Vol.64, pp.66-112, 2001.
- 9) Nowak, M.A. and May, R.M.: *Virus Dynamics: Mathematical Principles of Immunology and Virology*, Oxford University Press, Oxford, 2000.
- 10) 西浦博, 稲葉寿: 感染症の流行: 感染症数理モデルにおける定量的課題, 統計数理, Vol.54, No.2, pp.461-480, 2006.

- 11) Anderson, R.M. and May, R.M.: *Infectious Diseases of Humans: Dynamics and Control*, Oxford University Press, Oxford, 1991.
- 12) Diekmann, O. and Heesterbeek, J.A.P.: *Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases: Model Building, Analysis and Interpretation*, John Wiley and Sons, Chichester, 2000.
- 13) Thieme, H.R.: *Mathematics in Population Biology*, Princeton University Press, Princeton and Oxford, 2003, ホルスト・R・ティーム：生物集団の数学(上) 人口学，生態学，疫学へのアプローチ，日本評論社，2006.
- 14) 稲葉寿（編著）：感染症の数理モデル，培風館，2008.
- 15) Ohkusa, Y. and Sugawara, T.: Simulation model of pandemic influenza in the whole of Japan, *Japan Journal of Infection Diseases*, Vol.62, pp.98-106, 2009.
- 16) Halloran, M.E., Longini, I.M., Cowart D.M. and Nizam, A.: Community interventions and the epidemic prevention potential, *Vaccine*, Vol.20, pp.3254-3262, 2002.
- 17) Elveback, L.R. and Fox, J.P., Ackerman, E., Langworthy, A., Boyd, M. and Gatewood, L.: An influenza simulation model for immunization studies, *American Journal of Epidemiology*, Vol.103, pp.152-165, 1976.
- 18) Haber, M.J. and Shay D.K., Davis, X.M., Patel, R., Jin, X., Weintraub, E., Orenstein, E. and Thompson, W.W.: Effectiveness of interventions to reduce contact rates during a simulated influenza pandemic, *Emerging Infectious Diseases Journal*, Vol.13, pp.581-589, 2007.
- 19) Yasuda, H. and Yoshizawa, N., Kimura, M., Shigematsu, M., Kawachi, S., Oshima, M., Yamamoto, K. and Suzuki, K.: Preparedness for the spread of influenza: prohibition of traffic, school closure, and vaccination of children in the commuter towns of Tokyo, *Journal of Urban Health*, Vol.85, No.4, pp.619-35, 2008.
- 20) 江島啓介，鈴木秀幸，合原一幸：パーソントリップ調査データに基づくインフルエンザ感染伝播の数理モデリング，土木計画学研究発表会・講演集，Vol.41，CD-ROM，2010.
- 21) Keeling, M.J., Woolhouse, M.E.J., Shaw, D.J., Louise Matthews, L., Chase-Topping, M., Haydon, D.T., Cornell, S.J., Kappey, J., Wilesmith, J., and Grenfell, B.T.: Dynamics of the 2001 UK

- foot and mouth epidemic: Stochastic dispersal in a heterogeneous landscape, *Science*, Vol.294, No.5543, pp.813-817, 2001.
- 22) Tildesley, M.J., Savill, N.J., Shaw, D.J., Deardon, R., Brooks, S.P. Woolhouse, M.E.J., Grenfell, B.T., and Keeling, M.J.: Optimal reactive vaccination strategies for a foot-and-mouth outbreak in the UK, *Nature, Letters*, pp.83-86, 2006.
- 23) Tildesley, M.J., Bessell, P.R., Keeling, M.J. and Woolhouse, M.E.J.: The role of pre-emptive culling in the control of foot-and-mouth disease, *Proceedings of the Royal Society, B*, Vol.27, pp.3239-3248, 2009.
- 24) 農林水産省：口蹄疫に関する特定家畜伝染病防疫指針，平成16年。
- 25) Titterington, D.M., Smithe, A.F.M. and Makov, U.E.: *Statistical Analysis of Finite Mixture Distributions*, John Wiley & Sons, 1985.
- 26) Robert, C.P.: Mixtures of Distributions: Inference and Estimation, in Gillks, W.R., Richardson, S., and Spiegelhalter, D.J.(eds.): *Markov Chain Monte Carlo in Practice*, Chapman & Hall, 1996.
- 27) Robert, C.P., Rydén, T., and Titterington, D.M.: Bayesian inference in hidden Markov models through the reversible jump Markov chain Monte Carlo method, *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, Vol.62, pp.57-75, 2000.
- 28) Dempster, A.P., Laird, N.M. and Rubin, D.B.: Maximum likelihood from incomplete data via the EM Algorithm, *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, Vol.39, pp.1-38, 1977.
- 29) Celeux, G., Hurn, M., and Robert, C.P.: Computational and inferential difficulties with mixture posterior distributions, *Journal of the American Statistical Association*, Vol.95, pp.957-970, 2000.
- 30) Geman, S. and Geman, D.: Stochastic relaxation, Gibbs distributions and the Bayesian restoration of images, *Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol.6, pp.721-741, 1984.
- 31) Gilks, W.R. and Wild, P.: Adaptive rejection sampling for Gibbs sampling, *Applied Statistics*, Vol.41, pp.337-348, 1992.
- 32) Geweke, J.: Evaluating the Accuracy of Sampling-based Approaches to the Calculation of Posterior Moments, in: Bernardo, J.M., Berger, J.M., Dawid, A.P., and Smith, A.F.M. (eds.) :*Bayesian Statistics 4*, pp.169-193, Oxford University Press, 1996.

- 33) Chib, S.: Marginal likelihood from Gibbs output, *Journal of the American Statistical Association*, Vol.90, pp.1313-1321, 1995.
- 34) Newey, W.K. and West, K.D.: A simple, positive semi-definite, heteroskedasticity and autocorrelation consistent covariance matrix, *Econometrica*, Vol.55, pp.703-708, 1987.
- 35) 宮崎県口蹄疫対策検証委員:2010年に宮崎県で発生した口蹄疫の対策に関する調査報告書, 2011.
- 36) 村上洋介:口蹄疫ウイルスと口蹄疫の病性について, 日本獣医士会誌, Vol.53, pp.257-277, 2000.

第4章 口蹄疫の最適伝染リスク抑止モデル

4.1 緒言

口蹄疫は家畜の伝染によってもたらされる災害リスクであり，世界各国において農家に甚大な被害を及ぼしている．たとえば，1997年台湾において，主に養豚が口蹄疫に伝染し，約380万頭の豚が殺処分され，約70億USドルの被害をもたらした．また，2001年英国において発生した口蹄疫被害では羊，牛をはじめとする家畜が英国だけで約650万頭処分されており，その被害額は80億ポンドに上っている．わが国においても，2010年宮崎県を中心に口蹄疫被害が発生し，同年8月27日に終息宣言が発表されたが，感染確認から4ヶ月にわたり約28万9千頭の家畜が処分された．

口蹄疫による家畜の伝染拡大を抑止するために，口蹄疫の発症が確認された農場だけでなく，感染の可能性がある農場で飼育されている家畜に対しても予防的殺処分が実施される．その際，予防的殺処分を実施する空間的範囲の設定が課題となる．伝染拡大を抑止するためには予防的殺処分の対象となる空間的範囲を拡大することが望ましいが，空間的範囲が拡大すれば殺処分による損失が増加する．本章では，口蹄疫の伝染過程を空間的マルコフ過程としてモデル化するとともに，期待被害額を最小とするような口蹄疫の拡大抑止戦略を求めるためのマルコフ決定モデル(最適伝染リスク抑止モデル)を提案する．

口蹄疫の進行過程は，発症数の発生期，増加期，減少期，終息期というパターンを有しており，必然的に非定常なマルコフ連鎖モデルを取り扱う必要がある．さらに，各個体の口蹄疫の感染状態の推移パターンには空間的依存性が存在する．口蹄疫の発症が確認されれば，直ちに近隣地域全体に対して疫学的措置が講じられる．そのため，口蹄疫の時空間的伝染・抑止過程をマルコフ連鎖モデルとして表現する場合，各農場の感染状態の組み合わせによりマルコフ連鎖モデルの状態変数が定義されるため，状態変数が膨大になるという問題が発生する．したがって，膨大な状態変数を含む非定常マルコフ決定モデルの効率的解法を開発することが必要となる．

以上の問題意識の下に，本章では口蹄疫の伝染によって生じる期待被害額の最小

化を達成できるような伝染抑止戦略を求めるための最適伝染リスク抑止モデルを提案する．さらに，宮崎県を対象とした適用事例を通じてモデルの有用性について実証的に検証する．以下，**4.2.**では本章における基本的な考え方を述べる．**4.3.**においてモデルを定式化し，**4.4.**でモデルの解法を提案する．**4.5.**で適用事例について述べる．

4.2 最適伝染リスク抑止モデルの基本的な考え方

4.2.1 従来の研究概要

Kermack and McKendrick¹⁾により提起された伝染病流行モデルは，その後の研究の蓄積^{2)–8)}を経て数理疫学モデルとして体系化^{9)–14)}された．Kermack-McKendrickモデルは，局地的な封鎖人口における伝染病の流行過程を表現したモデルである．その後，ワクチンの接種効果^{15)–17)}や再感染^{18)–20)}を考慮するなどモデルの拡張が試みられている．さらに，Kendallらは，Kermack-McKendrickモデルに基づいて決定論的空間伝搬モデル²¹⁾を提案している．また，空間的伝染メカニズムを内包した積分方程式²²⁾，反応拡散方程式を応用したモデル^{23)–25)}も提案されている．しかし，これらは決定論的モデルであり，空間的伝染リスクを評価できない．その後，インフルエンザを対象としたシミュレーション型空間伝染モデル^{26)–28)}，伝染病の空間的伝染性を考慮した確率モデル^{29), 30)}が提案されているが，地域に存在する個別農場が直面するミクロな感染リスクを計量化する分析枠組みを有していない．一方，これらの既往研究に対し，阿部ら³¹⁾は，口蹄疫の時空間的伝染過程を，Keelingら³²⁾による空間的伝染モデル(以下，Keelingモデルと呼ぶ)に基づいて口蹄疫の空間的伝染過程を非定常マルコフ連鎖モデル(以下，空間伝染モデルと呼ぶ)を用いて表現している．このモデルを用いることにより，各農場の感染リスクを地域全体における空間的感染状態と対応させて定量的に評価することが可能となる．空間伝染モデルを用いることにより，地域全体における総殺処分数，口蹄疫感染の終息時間や口蹄疫感染の空間的範囲等に関するリスクを定量的に評価することが可能となる．本章では，阿部らが提案した空間伝染モデル³¹⁾を部分モデルとして位置づけ，口蹄疫に関する地域防疫計画を策定する上で重要な評価基準となるリスク評価指標を定式化する．その上で，期待被害額を可能な限り抑制するような予防的殺処分等に代表される最適空間的伝染抑止策を求めるためのマルコフ決定モデルを定式化する．この場

合、各農場の感染確率が地域全体における口蹄疫感染状態に依存する。さらに、予防的殺処分策は、発症が確認された農場だけでなく、空間的に近接している農場においても殺処分を実施する方策である。したがって、口蹄疫の空間的感染状態は、地域全体における各農場の感染状態の組み合わせとして定義される。このように定義される状態変数の数は膨大な量に及ぶため、状態変数をすべて列挙することが不可能である。このため、膨大な状態変数を含む非定常マルコフ決定過程の効率的解法を開発することが必要となる。本章では、準モンテカルロシミュレーションを用いて最適伝染リスク抑止モデルの解を求める方法論を提案する。

4.2.2 口蹄疫の伝染リスク評価

本章で対象にしている口蹄疫リスクのリスク評価に際しては、口蹄疫の伝染過程の時空間特性を考慮することが必要となる。さらに、予防的殺処分等の伝染拡大抑止戦略の効果を明示的に評価できるリスク指標を定式化することが必要となる。口蹄疫の伝染リスクに関しては、すでにいくつかの研究成果が蓄積されており、実務でも利用されている。動物およびその関連製品の輸出入から口蹄疫ウィルスが進入した事例が多いことから、動物や製品の輸出入に伴う口蹄疫ウィルス進入の定量的リスク評価に関する研究が行われている。例えば、Yuら³³⁾は、骨抜き肉の輸入から口蹄疫ウィルスが国内に侵入するリスク評価枠組みについて示している。また、Martinez-Lópezら³⁴⁾は、国内への生きた動物の輸入を通じた口蹄疫の発症リスクに関して、定量的に導出する枠組みを提示すると共に、スペインを対象に実際に口蹄疫が発症するリスクの評価を行っている。Morley³⁵⁾も、動物と関連製品の輸入に伴うリスク評価を牛、豚のそれぞれの部位からの感染確率を用いて行っている。他にも、水を通じた口蹄疫の定量的な伝染確率³⁶⁾や、大気中に浮遊している微小粒子(塵)を通じた伝染確率³⁷⁾の導出などが試みられている。これらの研究は、空間的に限定されたミクロなレベルでの口蹄疫の伝染リスクを評価したものであり、地域全体を対象とした口蹄疫の時空間的伝染リスクを評価するものではない。口蹄疫の感染要因は、既往研究が指摘するような動物や関連製品への接触や大気、水など多様な要因が挙げられるが、地域における防疫計画を策定するためには、個別要因に関するリスク評価だけではなく、地域内の各農家やコミュニティが直面する口蹄疫伝染リスクを、地域全体における時空間的伝染確率を用いて評価すること

が重要である．さらに，口蹄疫の伝染リスクに関する情報を農家の間で共有化し，地域全体としての防疫対策に対する住民の合意を事前に形成しておくことが求められる．また，各農家が直面する口蹄疫感染リスクは，地域全体の口蹄疫感染状態と対応して時間とともに変動する．口蹄疫の防疫計画や危機管理システムを構築するためには，口蹄疫伝染過程の進行に伴って，リアルタイムに口蹄疫の伝染リスクを評価できる分析枠組みが必要である．以上の問題意識の下に，本章では，地域全体における口蹄疫の時空間的伝染・抑止過程を非定常マルコフ連鎖モデルを用いて表現するとともに，準モンテカルロシミュレーション法を用いて定量的にリスク評価を実施する方法論を提案する．筆者らの知る限り，口蹄疫の時空間的伝染・抑止過程を明示的に考慮し，ミクロな立場から個別の農場における感染リスクやマクロな立場から地域全体の被害額，空間的伝染範囲，発生期間に関するリスク評価指標を提案した研究事例は見当たらない．

4.2.3 本章の位置づけ

口蹄疫に関する特定家畜伝染病防疫指針³⁹⁾ (平成16年)によれば，「本病の防疫対策は，第1に本病の発生国からの病原体の侵入を防止すること，第2に本病が発生した場合にはその被害を最小限にくい止めることが基本となる．このため，国内で発生した際には，国際的な本病清浄国の防疫原則に則り，殺処分により本病の撲滅を図り，常在化を防止する対策を実施することが重要である」としている．口蹄疫の防疫対策は，法第16条の規定に基づく患畜及び疑似患畜のと殺が基本対策として位置づけられ，法第21条の規定に基づく患畜等の死体の焼却等，法第23条の規定に基づく汚染物品の焼却等，法第25条の規定に基づく畜舎の消毒等のまん延防止措置の早急な実施が要請されている．すなわち，我が国では，口蹄疫を発症した家畜に対しては，殺処分を行うことが基本対策として位置づけられており，原則としては口蹄疫の発症が発覚した翌日までに，発症した家畜を飼育している農場の家畜全てを殺処分することが求められている．さらに，鹿児島県の防疫計画によれば⁴⁰⁾，殺処分後に，埋却を行うまでは伝染力を有するため，72時間以内に埋却を完了させることを求めている．現実には，口蹄疫の伝染拡大が進行した場合，殺処分を実施する専門家の欠如，殺処分後の埋没地の選定，埋没地整備のための業者や重器械が不十分であるなどの理由から，口蹄疫を発症したにも関わらずそのま

ま農場に放置される家畜も少なくない。

感染症の伝染リスクを抑止するためには、まずワクチン接種、感染症発生のモニタリング、感染した家畜や患者に対する対応といった疫学的戦略が重要な役割を果たす。しかし、このような疫学的戦略を実施するためには、人や家畜の移動制限、必要なモニタリング機器、医薬品の調達や運送、人的資源の確保と配置、患畜や疑似患畜の隔離や殺処分、患者の搬送・隔離等、疫学的戦略の実施を支援するための行政的措置が不可避である。行政的措置を効率的に実施するためには、あらかじめ感染症の伝染・流行抑止のために移動・交通制限や必要な物資調達のための対策計画を事前に策定しておくことが必要であり、土木計画学の分野における研究成果の蓄積が必要である。広域レベルにおいて口蹄疫の地域防疫計画を事前に策定するためには、1) 口蹄疫の伝染リスクを記述するための空間伝染モデルの作成、2) 期待被害額を最小にするような最適抑止戦略(予防的殺処分戦略)の決定、3) 最適抑止戦略を実行するための資源調達計画の作成を支援するような方法論を開発することが必要である。すでに、筆者らは、口蹄疫の伝染リスクを評価するために空間伝染モデルを提案している。本章は筆者らによる空間伝染モデルを用いて期待被害額を最小にするような最適抑止戦略を求める最適伝染リスク抑止モデルを提案することを目的とする。本章の目的は、特定家畜伝染病防疫指針の基本的考え方に従って、口蹄疫の伝染拡大を抑止するために予防的殺処分を実施する空間的範囲を事前に決定するための方法論を目的とする。その際、予防的殺処分の対象となる空間的範囲を大きくとれば、伝染リスクを低減することができるが、逆に殺処分による被害額が増加する。このように被害額と伝染リスクの間には、予防的殺処分の空間的範囲を介してトレードオフの関係が存在する。本章では期待被害額の最小化という視点にたち、伝染リスク最小化と被害額の最小化という双方の目的を可能な限り達成するような最適抑止戦略(予防的殺処分の空間的範囲)を決定する問題を取りあげる。

なお、本章は、あくまでも規範的な視点から期待被害額を最小にするような最適抑止戦略を求めることを目的としており、最適抑止計画を実現するための調達計画の内容に関しては考慮しない。このことは、口蹄疫の空間的伝染を抑止するための予防的殺処分対象の決定問題と、予防的殺処分を決定するための人材、資材の調達問題の間には、意思決定上の階層性が存在するという判断に基づいている。地域に口蹄疫が発生すれば、最適抑止戦略(予防的殺処分)を実施する空間的範囲と

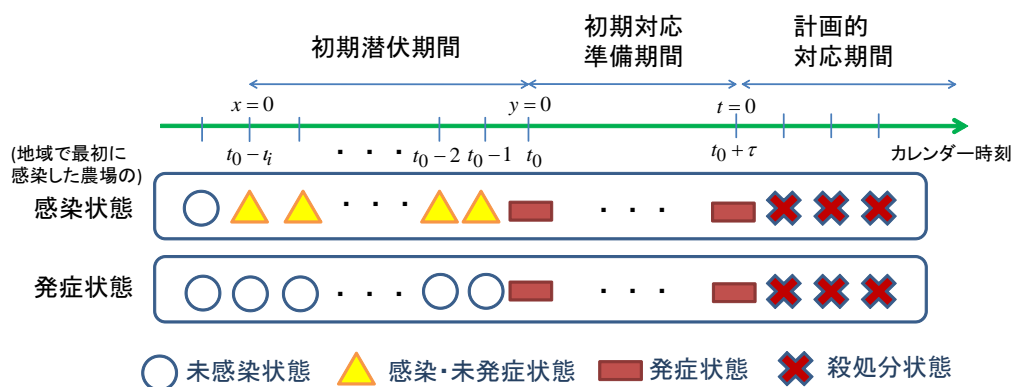


図-4.1 離散的時間軸

執行期間が決定される．このような最適抑止戦略(上位戦略)の決定を受けて，最適抑止戦略を執行するために必要となる人材，資材の調達量が明らかとなる．最適抑止戦略の実行可能性を担保するためには，地域内で即時に調達可能な人材，資材量(地域キャパシティ)を明確にするとともに，必要調達量が地域キャパシティを超過するリスクが大きくなれば，必要なタイミングで，より広域的な行政主体(国)に対して支援を依頼することが不可欠となる．さらに，調達資源量の制約が顕在化した場合を想定し，資源を配分する優先順位を決定することも必要となる．このような物資調達戦略に関する議論は，本章で明らかにした最適抑止戦略を与件として議論すべき課題であり，その成果は次章にて記述することとする．

4.3 最適伝染リスク抑止モデル

4.3.1 モデルの概要

口蹄疫の感染・発症とその終息に至るまでの過程を図-4.1に示すような離散的時間過程として把握する．カレンダー時間上の時刻 t_0 に，ある農場において口蹄疫の発症が確認される．口蹄疫の潜伏期間は l であり，感染から l 期後に発症する．潜伏期間 l は確定値であり与件とする．観測者にとって，同図における発症状態が直接観測可能である．感染状態は，現実に行進している口蹄疫の感染，発症過程を表しているが，潜伏期(図中の黄色い三角記号)の状態は直接観察できない．口蹄疫の発症が確認された時点で，事後的に感染していたことを知ることができるが，未発症状態で予防的殺処分を実施した場合，感染の有無は不確実なままである．ここで，

図-4.1に示すように，カレンダー時刻 t_0 を始点とする離散時間軸 $y = 0, 1, \dots$ を考える．離散時間軸上の時刻を時点と呼びカレンダー時刻と区別する．最初の発症事例が観察されて，発症が終息するまでの期間を，1) 初期対応準備期間と，2) 計画的対応期間という2つの期間に分類する．疫学的検査を行うことなく，口蹄疫の感染状態を確認することは出来ない．したがって，口蹄疫の発病を確認するための疫学的検査が実施される．発症が発見されたのち，時点 $y = \tau$ に初動体制が整う． $y = \tau$ において最初の殺処分が実施され，対象地域全体において，口蹄疫が終息するまで家畜の移動が全面的に禁止される．離散時間軸上の期間 $[0, \tau)$ を初期対応準備期間と呼ぶ．初期対応準備期間に口蹄疫の抑止計画が策定される．つぎに，時点 $y = \tau$ から，口蹄疫の空間的伝染を抑止するための対応が実施される．期間 $[\tau, \tau + T]$ を計画的対応期間と呼ぶ． T は計画的対応期間長であり，当該期間内に口蹄疫リスクが終息する．終息時点は口蹄疫伝染過程と対応して内生的に決定されるが，ここでは計画期間長 T を十分大きい整数で与える．記述の便宜を図るため，離散時刻 $y = \tau$ を $t = 0$ ，終息時点 $y = \tau + T$ を $t = T$ とする局所的離散軸 $t = 0, \dots, T$ を新たに導入する．計画的対応期間では，口蹄疫を発症，または感染の見込みが高い家畜に対して殺処分を行う．なお，殺処分能力に限界がある場合，感染の可能性のある農場の家畜に対してワクチンを投与することにより，一時的に口蹄疫の発生リスクを抑止することが必要となる．一般に，ワクチン投与は口蹄疫の再感染を軽減するために実施されるものであり，殺処分能力に余裕が生まれれば，逐次殺処分されることになる．このように殺処分能力に制約が存在する場合，各時点において，1) ワクチン投与の対象となる農場，および，2) 殺処分を行使する農場を選択することが課題となる．以上のような問題意識の下に，以下では期待被害額を最小にするような最適抑止戦略を求める最適伝染リスク抑止モデルを定式化する．その際，口蹄疫伝染による被害として，家畜の殺処分による資産価値の喪失，および殺処分費用を計上する．口蹄疫感染地域においては移動禁止措置が講じられるが，移動禁止による社会的費用は考慮しない．期待被害額を最小にするように口蹄疫の伝染を抑止することにより，結果的に口蹄疫の発生期間を可能な限り短くすることに貢献できると考える．

4.3.2 初期対応準備期間

ある閉鎖的地域における口蹄疫の空間的伝染過程をマルコフ連鎖モデルを用いて表現する．対象とする地域に N 箇所の農場が立地している．時点 $y=0$ において，単一もしくは複数農場に最初の口蹄疫の感染事例が発生した場合を想定する．

いま，初期時点 t_0 から初動体制が完了するまでの初期対応準備期間 $[t_0, t_0 + \tau)$ に着目する．初期時点において，対象とする地域に N 箇所の農場が立地している．最初に発症が確認された農場を初期感染農場と呼ぶ．農場において飼育している家畜の種類が異なる．家畜によって潜伏期間が異なるため，農場 i の潜伏期間を ι_i と表記する．初期感染農場は，時刻 $t_0 - \iota_i + 1$ から時刻 t_0 にかけて口蹄疫の空気感染を進行させる．そのため， t_0 において口蹄疫に感染している農場は，初期感染農場以外にも存在しうる．さらに，初期対応準備期間では，口蹄疫を発症した家畜の殺処分は実施されない．そのため，初期対応準備期間 $[t_0, t_0 + \tau)$ では，口蹄疫の伝染は進行し，時間が経過するにつれて口蹄疫の発症が確認される．口蹄疫の感染状態 $s_i(y)$ を

$$s_i(y) = \begin{cases} 0 & \text{未感染な状態} \\ 1 & \text{当該期に感染した場合} \\ 2 & \text{1期前に感染した状態} \\ \vdots & \vdots \\ \iota_i & \iota_i - 1 \text{期に感染した状態} \\ \iota_i + 1 & \text{口蹄疫が発症した状態} \end{cases} \quad (4.1)$$

と表す．時点 y における地域全体における口蹄疫の感染状態を表す状態変数（以下，感染システム状態変数と呼ぶ）を各農場の感染状態の変数 $s_i(y)$ の組 $\mathbf{S}(y) = \{s_1(y), \dots, s_N(y)\}$ を用いて定義する．感染状態変数に関して， $s_i(y) = 0, \dots, \iota_i + 1$ という $\iota_i + 2$ 種類の状態を取りえる．感染システム状態変数 $\mathbf{S}(y) = \mathbf{S}_h = (s_1^h, \dots, s_N^h)$ ($h = 1, \dots, K$)は， $K = \prod_{i=1}^N (\iota_i + 2)$ 組の感染状態ベクトル $\mathbf{S}_h = (0, 0, \dots, 0), (1, 0, \dots, 0), \dots, (0, 1, 0, \dots, 0), \dots, (\iota_1 + 1, \iota_1 + 1, \dots, \iota_1 + 1)$ を用いて表現できる． K 個の感染システム状態の集合を \mathcal{S} と表記する．

時点 y ($y = -\iota, \dots, \tau$)において，感染システム状態 \mathbf{S}_h である時に，未感染状態であった農場に，時点 $y+1$ において口蹄疫に感染する確率 $\rho_i(\mathbf{S}_h)$ （以下，伝染モデルと呼ぶ）をKeelingモデル³²⁾を用いて

$$\rho_i(\mathbf{S}_h) = 1 - \exp \left\{ - \left(\sum_{r=1}^R \zeta^r m_i^r \right) \sum_{j \in J(\mathbf{S}_h)} \kappa(d_{ij}) \right\}$$

(4.2)

と表現する．ただし， $J(\mathbf{S}_h)$ は感染システム状態 $\mathbf{S}(y) = \mathbf{S}_h$ において口蹄疫に感染した農場の集合であり， $J(\mathbf{S}_h) = \{j | s_j^h = 1, \dots, \iota + 1; j = 1, \dots, N\}$ と定義できる． ζ^r はタイプ r ($r = 1, \dots, R$) の家畜の感染の感受性 (susceptibility) パラメータであり， m_i^r は農場 i のタイプ r の家畜飼育頭数を表す．該当する家畜が飼育されていない場合は $m_i^r = 0$ である．農場 j から i への感染カーネル (infection kernel)

$$\kappa(d_{ij}) = d_{ij}^{-\gamma} \quad (4.3)$$

は，農家 i と j の距離 d_{ij} の関数であり， $\gamma (> 0)$ は距離抵抗パラメータである．なお，感染システム状態 \mathbf{S}_h の下で未感染状態にあった農場 i が，つぎの時点においても未感染状態のままとどまる確率を $q_i(\mathbf{S}_h)$ とすると

$$\begin{aligned} q_i(\mathbf{S}_h) &= 1 - \rho_i(\mathbf{S}_h) \\ &= \prod_{j \in J(\mathbf{S}_h)} \exp \left\{ - \left(\sum_{r=1}^R \zeta^r m_i^r \right) \kappa(d_{ij}) \right\} \end{aligned} \quad (4.4)$$

が成立する．このとき，推移確率 $\pi_{s_i^h s_i^g}(\mathbf{S}_h)$ は

$$\pi_{s_i^h s_i^g}(\mathbf{S}_h) = \begin{cases} q_i(\mathbf{S}_h) & s_i^h = 0, s_i^g = 0 \text{ の時} \\ \rho_i(\mathbf{S}_h) & s_i^h = 0, s_i^g = 1 \text{ の時} \\ 1 & s_i^h = k, s_i^g = k + 1 \text{ の時} \\ & (k = 1, \dots, \iota) \\ 1 & s_i^h = \iota + 1, s_i^g = \iota + 1 \\ 0 & \text{それ以外} \end{cases} \quad (4.5)$$

と表される．ここで， $\pi_{s_i^h s_i^g}(\mathbf{S}_h) = \text{Prob}\{s_i(t+1) = s_i^g | \mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h\}$ は，時点 t において地域全体の感染システム状態が $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h$ の場合に，農場 i のミクロ状態 $s_i(t) = s_i^h$ ($s_i^h = 0, \dots, \iota + 2$) が時点 $t+1$ に状態 $s_i(t+1) = s_i^g$ ($s_i^g \geq s_i^h$) に推移する確率である．この時，感染システム状態 $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h$ から状態 $\mathbf{S}(t+1) = \mathbf{S}_g$ への推移確率 Π_{hg} は

$$\begin{aligned} \Pi_{hg} &= \text{Prob}\{\mathbf{S}(t+1) = \mathbf{S}_g | \mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h\} \\ &= \prod_{i=1}^N \pi_{s_i^h s_i^g}(\mathbf{S}_h) \end{aligned} \quad (4.6)$$

と定義できる．このとき， y 期の感染システム状態変数ベクトル $\mathbf{S}(y)$ から $y+1$ 期（次期）の感染システム状態変数ベクトル $\mathbf{S}(y+1)$ への推移確率を表すマルコフ推移確

率行列 Π は

$$\Pi = \begin{pmatrix} \Pi_{11} & \cdots & \Pi_{1g} & \cdots & \Pi_{1K} \\ \vdots & \ddots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \Pi_{h1} & \cdots & \Pi_{hg} & \cdots & \Pi_{hK} \\ \vdots & \ddots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \Pi_{K1} & \cdots & \Pi_{Kg} & \cdots & \Pi_{1K} \end{pmatrix} \quad (4.7)$$

と表される．感染システム状態変数 $\mathbf{S}(y) = \mathbf{S}_h$ の生起確率を $P_h(y)$ ($h = 1, \dots, K$) と表し，感染システム状態の生起確率ベクトル $\mathbf{P}(y) = \{P_1(y), \dots, P_K(y)\}$ と表記する．このとき，地域全体における口蹄疫の空間的伝染過程をマルコフ過程

$$\mathbf{P}(y+1) = \mathbf{P}(y)\Pi \quad (4.8)$$

と表すことができる．時点 $y = \tau$ において初期対応準備期間が終了し，計画的対応期間が開始する．初期対応準備期間の終了時点における感染システム状態の生起確率は $\mathbf{P}(\tau) = \{P_1(\tau), \dots, P_K(\tau)\}$ と表される．

4.3.3 計画的対応期間

時点 $y = \tau$ ($t = 0$) において，口蹄疫の殺処分体制が整う．計画的対応期間 t ($t = 0, \dots, T$) においては，各期の期首にある農場において口蹄疫の発症状態が確認されると，直ちに当該農場で飼育されているすべての家畜が殺処分される．それと同時に，口蹄疫の発症が確認された近傍の農場においても，口蹄疫の空間的伝染を抑止するために，口蹄疫の発症が確認されていなくても家畜の予防的殺処分が実施される．過去の口蹄疫伝染事例では，該当する農家との交渉に時間を要し，殺処分の実施に遅延が生じた．本章では，行政と農家の間で予防的殺処分実施に関する取り決めを事前に締結しており，殺処分に必要となる人材，資材の調達に制約がない場合，殺処分は直ちに終了すると仮定する．ただし，殺処分能力に上限があるために，必ずしもすべての農場において直ちに殺処分の実施が可能なわけではない．ある時点における殺処分需要が処理能力を超過した場合，殺処分工程の開始に遅延が生じることになる．殺処分工程に遅延が生じた場合，殺処分されないまま放置される家畜が存在する．本章では殺処分に着手できない家畜に関しては，直ちにワクチンが接種されると考える．ワクチンを接種しても口蹄疫の感染，発症を完全に

は抑止できないため，殺処分能力に余裕が生じた場合にはワクチンを接種された家畜も殺処分されることになる．発症が観察された農場で殺処分が延期される場合は，殺処分が終了するまでの期間は口蹄疫が発症した状態が継続すると考える．一方，予防的殺処分が決定した農場で殺処分が延期される場合は，現在のところワクチン接種の有効性に不確実性が存在するため，安全側に立ちワクチン接種の効果が存在しないと仮定する．すなわち，殺処分が終了するまでの期間は，マルコフ推移確率行列 $\mathbf{\Pi}$ に従って感染状態が推移していくと考える．殺処分の対象となる家畜数が殺処分能力を超過する場合，殺処分の優先順位を決定することが必要となる．この問題に関しては，改めて **4.5.3** で議論することとする．

計画的対応期間における農場 i ($i = 1, \dots, N$) における口蹄疫の感染状態 $\tilde{s}_i(t)$ を

$$\tilde{s}_i(t) = \begin{cases} 0 & \text{未感染な状態} \\ 1 & \text{当該期に感染した状態} \\ 2 & \text{1期前に感染した状態} \\ \vdots & \vdots \\ \iota_i & \iota_i - 1 \text{期に感染した状態} \\ \iota_i + 1 & \text{口蹄疫が発症した状態} \\ \iota_i + 2 & \text{ワクチンを接種した状態} \\ \iota_i + 3 & \text{殺処分が終了した状態} \end{cases} \quad (4.9)$$

と表す．時点 t の地域全体における口蹄疫の感染状態を表す感染システム状態変数を各農家の感染状態の変数 $\tilde{s}_i(t)$ の組 $\tilde{\mathbf{S}}(t) = \{\tilde{s}_1(t), \dots, \tilde{s}_N(t)\}$ を用いて定義する．感染状態変数 $\tilde{s}_i(t)$ ($i = 1, \dots, N$) に関して， $\tilde{s}_i(t) = 0, \dots, \iota_i$ という $\iota_i + 3$ 種類の状態を取りえる．感染システム状態変数 $\tilde{\mathbf{S}}(t) = \tilde{\mathbf{S}}_h$ ($h = 1, \dots, \tilde{K}$) は， $\tilde{K} = \prod_{i=1}^N (\iota_i + 3)$ 組の感染状態ベクトルを用いて表現できる．口蹄疫の伝染抑止戦略は，1) 殺処分の対象となる農場を決定するルール，2) 実際に殺処分を実施する農場の順位を決定するルールにより構成される．

いま，ある時点において，感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_h$ が観測された場合を考える．今後の議論のため感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_h$ に基づいて3種類の農場集合

$$U(\tilde{\mathbf{S}}_h) = \{i | \tilde{s}_i(t) = 0, \dots, \iota_i + 1\} \quad (4.10)$$

$$I(\tilde{\mathbf{S}}_h) = \{i | \tilde{s}_i(t) = 0, \dots, \iota_i + 2\} \quad (4.11)$$

$$H(\tilde{\mathbf{S}}_h) = \{i | \tilde{s}_i(t) = \iota_i + 3\} \quad (4.12)$$

を定義する． $U(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ は，過去に口蹄疫の伝染抑止戦略(殺処分，ワクチン接種)を行使していない農場集合， $I(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ は殺処分の検討対象となる農場集合， $H(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ はすでに殺処分が執行された農場の集合である．当該時点において，伝染抑止戦略 $\xi^h \in \Xi^h$ の下で農場 $i \in U(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ を新たに殺処分の対象にするかどうかを表すダミー変数 $v_i^{\xi^h}$ を

$$v_i^{\xi^h} = \begin{cases} 1 & \text{殺処分の対象に決定する} \\ 0 & \text{殺処分の対象としない} \end{cases} \quad (4.13)$$

$(i \in U(\tilde{\mathbf{S}}_h))$

と定義する．農場 $i \notin U(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ に対しては $v_i^{\xi^h} = 0$ が成立する．殺処分能力に制約が存在するため，農場集合 $I(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ の中から，実際に殺処分が実施される農場が選択される．そこで，感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_h$ の下で，当該時点において農場 $i \in I(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ において伝染抑止戦略 ξ^h に基づいて殺処分を執行するかどうかを表すダミー変数 $\delta_i^{\xi^h}$ ($h = 1, \dots, \tilde{K}, i = 1, \dots, N$)を

$$\delta_i^{\xi^h} = \begin{cases} 1 & \text{殺処分を執行する} \\ 0 & \text{殺処分を執行しない} \end{cases} \quad (4.14)$$

$(i \in I(\tilde{\mathbf{S}}_h))$

と定義する．なお，すでに殺処分を実施した農場 $i \in H(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ に関しては $\delta_i^{\xi^h} = 0$ が成立する．当然のことながら，ダミー変数 $\delta_i^{\xi^h}$ ($h = 1, \dots, \tilde{K}, i = 1, \dots, N$)は

$$\sum_{i=1}^N \delta_i^{\xi^h} m_i \leq L \quad (4.15)$$

を満足しなければならない．ただし， L は殺処分能力の上限値を表す．この時，感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_h$ を与件とする条件付き伝染抑止戦略 $\xi^h \in \Xi^h$ ($h = 1, \dots, \tilde{K}$)をダミー変数ベクトル $\boldsymbol{\xi}^h = \{(v_1^{\xi^h}, \delta_1^{\xi^h}), \dots, (v_N^{\xi^h}, \delta_N^{\xi^h})\}$ を用いて定義する．ただし， Ξ^h は，システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_h$ の場合に適用可能な条件付き伝染抑止戦略集合である．条件付き伝染抑止戦略 $\xi^h \in \Xi^h$ ($h = 1, \dots, \tilde{K}$)を適用した場合，ミクロ状態 $\tilde{s}_i^h, \tilde{s}_i^g$ ($i = 1, \dots, N$)間の推移確率 $\tilde{\pi}_{\tilde{s}_i^h \tilde{s}_i^g}^{\xi^h}(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ は

$$\tilde{\pi}_{\tilde{s}_i^h \tilde{s}_i^g}^{\xi^h}(\tilde{\mathbf{S}}_h) = \begin{cases} \tilde{q}_i(\tilde{\mathbf{S}}_h) & \tilde{s}_i^h = 0, \tilde{s}_i^g = 0, v_i^{\xi^h} = 0, \delta_i^{\xi^h} = 0 \\ \tilde{\rho}_i(\tilde{\mathbf{S}}_h) & \tilde{s}_i^h = 0, \tilde{s}_i^g = 1, v_i^{\xi^h} = 0, \delta_i^{\xi^h} = 0 \\ 1 & \tilde{s}_i^h = k, \tilde{s}_i^g = k+1, v_i^{\xi^h} = 0, \delta_i^{\xi^h} = 0 \\ & (k = 1, \dots, \iota_i) \\ 1 & \tilde{s}_i^h = 0, \dots, \iota_i + 1, \tilde{s}_i^g = \iota_i + 2, \\ & v_i^{\xi^h} = 1, \delta_i^{\xi^h} = 0 \\ 1 & \tilde{s}_i^h = 0, \dots, \iota_i + 1, \tilde{s}_i^g = \iota_i + 3, \\ & v_i^{\xi^h} = 1, \delta_i^{\xi^h} = 1 \\ 1 & \tilde{s}_i^h = \iota_i + 2, \tilde{s}_i^g = \iota_i + 2, \\ & v_i^{\xi^h} = 0, \delta_i^{\xi^h} = 0 \\ 1 & \tilde{s}_i^h = \iota_i + 2, \tilde{s}_i^g = \iota_i + 3, \\ & v_i^{\xi^h} = 0, \delta_i^{\xi^h} = 1 \\ 1 & \tilde{s}_i^h = \iota_i + 3, \tilde{s}_i^g = \iota_i + 3 \\ 0 & \text{それ以外の時} \end{cases} \quad (4.16)$$

と定義される．ただし， $\tilde{\rho}_i(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ は

$$\tilde{\rho}_i(\tilde{\mathbf{S}}_h) = 1 - \exp \left\{ - \left(\sum_{r=1}^R \zeta^r m_i^r \right) \sum_{j \in \tilde{J}(\tilde{\mathbf{S}}_h)} \kappa(d_{ij}) \right\} \quad (4.17)$$

であり， $\tilde{J}(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ は感染システム状態 $\tilde{S}(t) = \tilde{\mathbf{S}}_h$ において口蹄疫に感染した農場の集合であり， $\tilde{J}(\tilde{\mathbf{S}}_h) = \{j | \tilde{s}_j^h = 1, \dots, \iota_i + 2; j = 1, \dots, N\}$ と定義できる．また，

$$\tilde{q}_i(\tilde{\mathbf{S}}_h) = 1 - \tilde{\rho}_i(\tilde{\mathbf{S}}_h) \quad (4.18)$$

が成立する．

式(4.16)は式(4.9)に示した推移確率に，殺処分実施に関する状態変数を付加した内容になっている．推移確率(4.16)を用いて，条件付き伝染抑止戦略 $\xi^h \in \Xi^h$ 下における計画的対応期間中の感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}(t) = \tilde{\mathbf{S}}_h$ から状態 $\tilde{\mathbf{S}}(t+1) = \tilde{\mathbf{S}}_g$ への推移確率 $\tilde{\Pi}_{hg}^{\xi^h}$ は

$$\tilde{\Pi}_{hg}^{\xi^h} = \prod_{i=1}^N \tilde{\pi}_{\tilde{s}_i^h \tilde{s}_i^g}^{\xi^h}(\tilde{\mathbf{S}}_h) \quad (4.19)$$

と表現できる．ここで，条件付き伝染抑止戦略 $\xi^h \in \Xi^h$ が，感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_h$ ($h = 1, \dots, \tilde{K}$) のそれぞれに対して定義されることに着目すれば，伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ を条件付き伝染抑止戦略ベクトル $\xi = (\xi^1, \dots, \xi^{\tilde{K}})$ を用いて定義することができる． Ξ は感染伝染戦略集合である．さらに， $\tilde{\Pi}_{hg}^{\xi^h}$ を (h, g) 要素とする推移確率行列を $\tilde{\Pi}^\xi = \{\tilde{\Pi}_{hg}^{\xi^h} : h, g = 1, \dots, \tilde{K}\}$ と表す．伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ を実施した時に実現する状態変数ベクトル $\tilde{\mathbf{S}}(t)$ から $\tilde{\mathbf{S}}(t+1)$ の間の推移確率を表すマルコフ推移確率行列を

$$\tilde{\Pi}^\xi = \begin{pmatrix} \tilde{\Pi}_{11}^{\xi^1} & \cdots & \tilde{\Pi}_{1\tilde{K}}^{\xi^1} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \tilde{\Pi}_{\tilde{K}1}^{\xi^{\tilde{K}}} & \cdots & \tilde{\Pi}_{\tilde{K}\tilde{K}}^{\xi^{\tilde{K}}} \end{pmatrix} \quad (4.20)$$

と定義する．さらに，伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ を適用した場合に実現する感染システム状態変数 $\tilde{\mathbf{S}}(t) = \tilde{\mathbf{S}}_k$ の生起確率を $\tilde{P}_k^\xi(t)$ ($k = 1, \dots, \tilde{K}$) と表し，感染システム状態の生起確率ベクトル $\tilde{\mathbf{P}}^\xi(t) = \{\tilde{P}_1^\xi(t), \dots, \tilde{P}_{\tilde{K}}^\xi(t)\}'$ と表記する．この時，伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ の下で実現する地域全体における口蹄疫の空間的伝染過程をマルコフ過程

$$\tilde{\mathbf{P}}^\xi(t+1) = \tilde{\Pi}^\xi \tilde{\mathbf{P}}^\xi(t) \quad (4.21)$$

と表すことができる．ただし，計画的対応開始時点 $t = 0$ における感染システム状態の生起確率ベクトル $\tilde{\mathbf{P}}(0) = \{\tilde{P}_1(0), \dots, \tilde{P}_{\tilde{K}}(0)\}$ は，初期対応の準備完了時点の感染システム状態生起ベクトル $\mathbf{P}(\tau) = \{P_1(\tau), \dots, P_{k'}(\tau), \dots, P_K(\tau)\}$ を用いて

$$\tilde{P}_k(0) = \begin{cases} P_{k'}(\tau) & \tilde{\mathbf{S}}_k = \mathbf{S}_{k'} \text{ の時} \\ 0 & \text{それ以外の時} \end{cases} \quad (4.22)$$

と定義される．

4.3.4 最適伝染リスク抑止モデルの定式化

条件付き伝染抑止戦略 $\xi^h \in \Xi^h$ は，当該の戦略が適用される時点に関わらず，感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_h$ に依存して定義される．したがって，感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_h$ が生起したことを与件として，それ以降，伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ を行使することにより実現する期待被害額を $V^\xi(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ と表す．期待被害額の当該期割引現在価値は，感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_h$ が生起する時点に依存しない．そこで，期待被害額の当該期割引現在価値を，状態変数に関して再帰的に定義することを考える．

いま，タイプ r ($r=1, \dots, R$) の家畜1頭あたりの殺処分に必要な費用を c^r で表す．家畜が殺処分されることによりタイプ r の家畜1頭当たり v^r の損失が発生する．家畜の損失および殺処分に必要な費用は，殺処分を決定した時点で発生すると考える．政府は地域全体において発生する期待被害額を最小化するように最適伝染抑止戦略を決定する．いま，伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ を適用する場合を考える．感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}(t) = \tilde{\mathbf{S}}_h$ の下で実現する期待被害額 $\tilde{V}^\xi(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ は再帰的に

$$\tilde{V}^\xi(\tilde{\mathbf{S}}_h) = \sum_{i=1}^N \sum_{r=1}^R \left\{ \delta_i^{\xi^h} (c^r + v^r) m_i^r + \gamma_i^{\xi^h} w m_i \right\} + \frac{1}{1+\lambda} \sum_{g \in \mathcal{R}(\tilde{\mathbf{S}}_h)} \tilde{\Pi}_{hg}^{\xi^h} \tilde{V}^\xi(\tilde{\mathbf{S}}_g) \quad (4.23)$$

と定式化できる．ただし， $\mathcal{R}(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ は感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_h$ から1期後に到達可能な感染システム状態を表す．また， w はワクチン投与費用であり， λ は割引率である． $\gamma_i^{\xi^h} = v_i^{\xi^h} (1 - \delta_i^{\xi^h})$ は伝染抑止戦略 ξ^h に基づいてワクチン接種をしたときに1を，そうでないときに0をとるダミー変数である．さらに，計画的対応期間の初期時点(計画対応開始時点) $t=0$ において，感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_h$ のときに発生する期待被害額も式(4.23)を用いて再帰的に $V^\xi(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ と表現することができる．ここで，式(4.22)を用いて， $\tilde{\mathbf{S}}_h$ をそれと対応する \mathbf{S}_k に置換すれば， $V^\xi(\mathbf{S}_k) = \tilde{V}^\xi(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ が成立する．この時，計画対応開始時点 $t=0$ の感染システム状態 \mathbf{S}_k に対して，伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ の下で実現する期待被害額の割引現在価値 $V_0^\xi(\mathbf{S}_k)$ は，式(4.23)で定義される期待被害額が時点 t に依存せず，感染システム状態 \mathbf{S}_k のみに依存するため

$$V_0^\xi(\mathbf{S}_k) = \tilde{V}^\xi(\mathbf{S}_k) \quad (4.24)$$

が成立する．いま，初期対応期間の時点 $y = \tau$ において計画的対応期間が開始すると考える．この時，時点 $y = \tau$ において感染システム状態 \mathbf{S}_k が生起する確率を $\mathbf{P}(\tau) = \{P_1(\tau), \dots, P_K(\tau)\}$ と表せば最適伝染リスク抑止モデルは

$$\begin{aligned} V_0^{\xi^*} &= \min_{\xi \in \Xi} \tilde{V}^\xi(\mathbf{S}_0) \\ &= \min_{\xi \in \Xi} \sum_{k=1}^K P_k(\tau) V_0^\xi(\mathbf{S}_k) \end{aligned} \quad (4.25)$$

と定式化できる． ξ^* は最適戦略を表す．

4.4 モデルの解法

4.4.1 基本方針

最適伝染リスク抑止モデル(4.23)は、感染システム状態に対して再帰的に定義される非定常マルコフ連鎖モデルを内包している。再帰的關係は、感染システム状態間に成立する半順序關係に基づいて定義されるという特徴がある。このような半順序關係を用いて、後ろ向きに初期時点における期待被害額を算出することができる。しかし、本モデルの場合、システム変数 \tilde{S}_h の個数は $\prod_{i=1} N(l_i+3)$ となる。対象地域における農場数が多くなれば、システム変数の数が膨大になるという問題がある。また、感染システム状態間の半順序關係に基づいて、感染システム状態のツリーネットワークを網羅的に構成することは現実的に不可能である。本章では、最適伝染リスク抑止モデルの実用化を図るために、準モンテカルロシミュレーションを用いた解法を提案する。

周知のように、モンテカルロ法は、乱数を用いて偶然事象の発生をシミュレートし、対象とする問題の近似値を得る方法の総称であり、多くの分野に応用されている。一方で、モンテカルロ法は計算量が膨大になることから、いかに計算量を減少させ、精度を向上させるかが課題となる。このような課題に対して、計算速度と計算精度を改善した超一様分布列を用いた準モンテカルロ法が考案されている^{41), 42)}。モンテカルロ法では一般に $[0,1)$ から種を用いて疑似乱数列を発生させてシミュレーションを実施するのに対し、準モンテカルロ法では、発生させる乱数の一様性を確保するため、乱数の一様性を確保しながら決定論的に乱数を発生させる。これらは超一様分布列と呼ばれ、Halton列やSobol列、Faure列など様々な超一様分布列が考案されている⁴¹⁾。超一様分布列を用いたモンテカルロ法は準モンテカルロ法と呼ばれ、本章では、それらの中からFaure列に改良を施した一般化Faure列を用いることとする。なお、一般化Faure列の発生方法については、田村ら⁴³⁾やShinodaら⁴⁴⁾を参照されたい。また、一般化Faure列の一様性及び構造物の信頼性解析への応用事例については篠田らの研究^{45), 46)}がある。

準モンテカルロ法は、モンテカルロ法がランダムな数列を用いるのと異なり決定論的数列を用いるところにある。決定論的数列は準乱数と呼ばれ、その利点は数列の一様性である。本章で用いる準乱数は高次元でも精度の高い数値積分が行えるとされる一般化Faure列である。シミュレーションに組み込むに当たっては、田村

ら⁴³⁾が提唱している手法を用いる．一般化Faure列の点列 $\mathbf{x}_w = (x_w^{(1)}, \dots, x_w^{(n)})$ は，基数 b を次元 n 以上の最小の素数とした場合，基数 b による基底逆関数により得られる．基数 b による整数 w のdigit展開を

$$w = a_s b^s + a_{s-1} b^{s-1} + \dots + a_1 b + a_0 \quad (4.26)$$

とすると，第 $z(\geq 1)$ 次元目の $\mathbf{x}_w^{(z)}$ は，

$$x_w^{(z)} = \frac{a_0^{(z)}}{b} + \frac{a_1^{(z)}}{b^2} + \dots + \frac{a_{s-1}^{(z)}}{b^s} + \frac{a_s^{(z)}}{b^{s+1}}$$

となる．ただし，

$$\begin{pmatrix} a_0^{(1)} \\ a_1^{(1)} \\ \vdots \\ a_s^{(1)} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} e & & \\ & e & \\ & & e \\ & & & \ddots \end{pmatrix} \begin{pmatrix} a_0 \\ a_1 \\ \vdots \\ a_s \end{pmatrix} \quad (4.27)$$

$$\begin{pmatrix} a_0^{(z)} \\ a_1^{(z)} \\ \vdots \\ a_s^{(z)} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} e_z & & \\ & e_z & \\ & & e_z \\ & & & \ddots \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} {}_0C_0 & {}_1C_0 & {}_2C_0 & \cdots \\ & {}_1C_1 & {}_2C_1 & \cdots \\ & & {}_2C_2 & \cdots \\ & & & \ddots \end{pmatrix}^{z-1} \begin{pmatrix} a_0 \\ a_1 \\ \vdots \\ a_s \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} z \\ z \\ \vdots \\ z \end{pmatrix} \pmod{b} \quad (4.28)$$

である．ここで， $e_i = E^z \pmod{b}$ ， E は基数 b を法とする原始根である．従って，シミュレーションで準乱数を用いる場合に外生的に与える変数は， z と w と b である．これらの値は準乱数の発生周期に密接に関わっており，準乱数の精度と発生速度を最も早くするためには，比較的小さな z と w を選択するのが妥当である．本章では，Faure列において z と w の感度分析を行ったFox⁴⁷⁾の成果に基づき， $z = 4$ ， $w = 7000$ ， $b = 2$ として準乱数を発生させてシミュレーションに用いた．

4.4.2 解法

初期対応期間，計画的対応期間を通じて感染システム状態変数の数が膨大になるため，感染システム状態の時間変化パターンをマルコフ連鎖モデルを用いて明示的に記述することは不可能である．本章では，準モンテカルロ法を用いて，時間的に展開する感染システム状態の推移パターンを表すサンプルパスを発生させる．各サンプルパス上では，感染システム状態は確定値であり，伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ を与件とすれば，計画的対応期間における殺処分，ワクチン接種する農場が確定的に求まる．いま，初期時点 $y = 0$ において口蹄疫を発症する農場を初期条件として与える．初期時点において，どの農場に口蹄疫が発生するかという事象は確率的事象であり，初期条件の与え方には任意性が残る．本章では，都道府県レベルにおける口蹄疫伝染抑止計画を策定する上で，対象地域において最悪のシナリオを想定する方法を採用する．このため，対象地域における農場の重心にもっとも近い農場を初期発生農場として設定する．現実には，口蹄疫の発生を確認した段階では，その農場を初期農場として設定し，以下で述べるシミュレーションの方法を適用することにより口蹄疫伝染リスクを評価することも可能である．

初期対応期間中は，家畜の殺処分を実施せず，状態推移確率(4.5)に基づいて伝染が進行する．したがって，初期状態の感染システム状態 $\mathbf{S}(0) = \mathbf{S}_0$ が与えられれば， $y = 1$ 以降の感染システム状態はマルコフ連鎖(4.8)によって推移する．いま，伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ に対してサンプルパスを合計 M 本発生させる場合を考える．サンプルパス k ($k = 1, \dots, M$)のそれぞれに対して，準モンテカルロ法により計画的対応期間の開始時点 $y = \tau$, $t = 0$ における感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_h$ を求める．計画的対応期間においては，伝染抑止戦略が感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_h$ に依存して決定される．伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ を与件とすれば，サンプルパス k ($k = 1, \dots, M$)のそれぞれに対して，計画的対応期間の感染システム状態の時間的推移パターン $\tilde{\mathbf{S}}_{(k)}^\xi = \{\tilde{\mathbf{S}}_{(k)}^\xi(0), \dots, \tilde{\mathbf{S}}_{(k)}^\xi(T)\}$ が確定する．ただし， $\tilde{\mathbf{S}}_{(k)}^\xi(t) = \{\tilde{s}_{1(k)}^\xi(t), \dots, \tilde{s}_{N(k)}^\xi(t)\}$ は伝染抑止戦略 ξ の下で実現したサンプルパス k ($k = 1, \dots, M$)において時点 t に観察される感染システム状態である．さらに，伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ の下で実現する感染システム状態のサンプルパス上で農場 i ($i = 1, \dots, N$)で行使される戦略をダミー変数 $\delta_{i(k)}^{\xi h}, \gamma_{i(k)}^{\xi h}$ と表記する．この時，サンプ

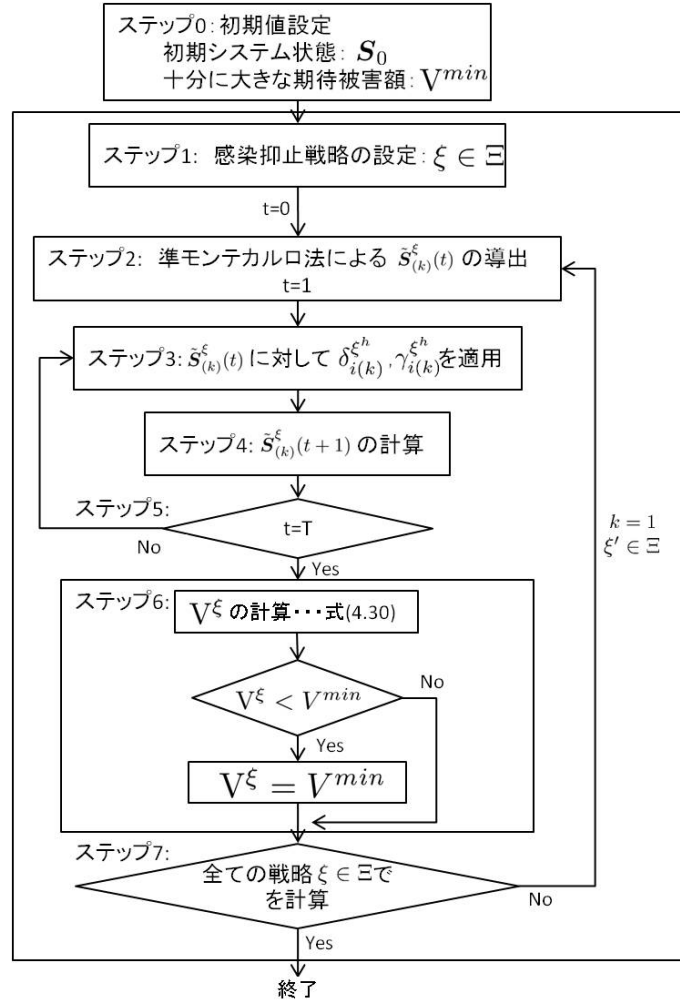


図-4.2 最適戦略を求める手順

ルパス上で発生する被害額 $C_{(k)}^\xi(S_0)$ は

$$C_{(k)}^\xi(S_0) = \sum_{t=0}^T \sum_{i=1}^N \sum_{r=1}^R \left(\frac{1}{1+\lambda} \right)^{t+\tau} \left\{ \delta_{i(k)}^{\xi^h} (c^r + v^r) m_i^r + \gamma_{i(k)}^{\xi^h} w m_i \right\} \quad (4.29)$$

と定式化できる．準モンテカルロ法を用いて初期時点 $t=0$ の感染システム状態 S_0 を起点とする M 本のサンプルパスを発生させることにより伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ の下で実現する費用の期待値 $\tilde{V}^\xi(S_0)$ を

$$\tilde{V}^\xi(S_0) = \frac{1}{M} \sum_{k=1}^M C_{(k)}^\xi(S_0) \quad (4.30)$$

と近似できる．

以上の考え方に基づいて最適伝染抑止モデルの最適戦略を求める手順を図-4.2に示しているが，以下のようにとりまとめることができる．

- **ステップ0** 初期状態 S_0 を設定する．期待被害額 V^{min} を十分大きい値に設定する．
- **ステップ1** 伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ を設定する． $k=1$ とする．
- **ステップ2** 準モンテカルロ法を用いて計画的対応期間における開始時点 $t=0$ における感染システム状態 $\{\tilde{S}(0)_{(k)}^\xi\}$ を求める． $t=1$ とする．
- **ステップ3** 感染システム状態 $\tilde{S}_{(k)}^\xi(t)$ に対して伝染抑止戦略 $\delta_{i(k)}^{\xi h}, \gamma_{i(k)}^{\xi h}$ を行使する．
- **ステップ4** マルコフ推移確率 $\tilde{\Pi}^\xi$ を用いて，感染システム状態 $\tilde{S}_{(k)}^\xi(t+1)$ を求める．
- **ステップ5** $t=T$ であれば， **ステップ6** へ進む． そうでない場合は $t=t+1$ として， **ステップ3** へ戻る．
- **ステップ6** 伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ の下で期待被害額 V^ξ を求める． $V^\xi < V^{min}$ の場合， $V^\xi = V^{min}$ として **ステップ7** へ進む． そうでなければ，そのまま **ステップ7** へ進む．
- **ステップ7** すべての伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ の下で期待被害額 EC^ξ を求めた場合，アルゴリズムは終了する． そうでない場合，新しい伝染抑止戦略 $\xi' \in \Xi$ を求め， $k=1$ として **ステップ2** に戻る．

4.4.3 リスクマネジメント指標

最適伝染リスク抑止モデル(4.25)は口蹄疫の空間的伝染により発生する期待被害額を最小にするような伝染抑止戦略を求めるモデルである．口蹄疫の伝染抑止計画を策定する際には，地域農家との間で予防的殺処分に関する合意形成を行っておくことが重要である．さらに，口蹄疫の伝染抑止に関わる関係機関，自治体の間で殺処分能力を確保するために必要となる人員，物資調達に関する事前調整を行っておく必要がある．このような合意形成や事前協議を実施するためには，地域全体で発生する期待被害額だけではなく，空間的に拡大する可能性がある口蹄疫伝染リスクに関する情報を関係者に提示することが必要となる．さらに，口蹄疫の発生による家畜資産の損壊という災害リスクマネジメント(以下，口蹄疫リスクマネジメントと呼ぶ)を実施する上で，リスクマネジメントの効率性を評価するための

評価指標を開発することが必要となる．本章では，このようなリスクマネジメント指標として，a) 被害額，b) 家畜殺処分数，c) 感染地域の空間的範囲，d) 発生期間長に着目する．いずれも，初期時点において，口蹄疫の発生が確認された時点において，口蹄疫の発生が終息した時点において，それぞれの指標の確率分布を予測することを目的とする．

被害額

口蹄疫伝染過程には不確実性が介在し，初期時点において地域で展開する口蹄疫の伝染・抑止過程を予測することは不可能である．本章では，準モンテカルロ法を用いて，口蹄疫の伝染・抑止過程を表現するサンプルパスを発生する．このように発生したサンプルは，それぞれ現実には地域で出現する可能性のある伝染・抑止過程を表現している．1つのサンプルパスが発生した場合，このサンプルパス上で発生する被害額 $C_{(k)}^{\xi}(\mathbf{S}_0)$ は式(4.29)で表される．この情報を用いれば，初期時点において伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ を採用した場合に，将来時点で発生する口蹄疫被害額の確率分布を評価することができる．ここで，ダミー変数 $\chi_{(k)}^{\xi}(C)$ を

$$\chi_{(k)}^{\xi}(C) = \begin{cases} 1 & : C_{(k)}^{\xi}(\mathbf{S}_0) \leq C \text{ のとき} \\ 0 & : C_{(k)}^{\xi}(\mathbf{S}_0) > C \text{ のとき} \end{cases} \quad (4.31)$$

と定義する．このとき，被害額の分布関数 $F^{\xi}(C)$ は

$$\tilde{F}^{\xi}(C) = \frac{1}{M} \sum_{k=1}^M \chi_{(k)}^{\xi}(C) \quad (4.32)$$

で近似される．

家畜殺処分数

サンプルパス k ($k = 1, \dots, M$) において，すべての農場 i ($i = 1, \dots, N$) においてマイクロ状態 $\tilde{s}_{i(k)}^h$ が0もしくは $\iota_i + 3$ の値をとった時点をも口蹄疫の終息時点 $T^{(k)}$ と定義する．終息時点 $T^{(k)}$ は内生的に決定される．口蹄疫の終息時点 $T^{(k)}$ で実現した感染システム状態は $\tilde{\mathbf{S}}_{(k)}^{\xi}(T^{(k)}) = \{\tilde{s}_{1(k)}^{\xi}(T^{(k)}), \dots, \tilde{s}_{N(k)}^{\xi}(T^{(k)})\}$ と表せる．ダミー変数 $\nu_{i(k)}^{\xi}$ を

$$\nu_{i(k)}^{\xi} = \begin{cases} 1 & : \tilde{s}_{i(k)}^{\xi}(T^{(k)}) = \iota_i + 3 \text{ のとき} \\ 0 & : \tilde{s}_{i(k)}^{\xi}(T^{(k)}) = 0 \text{ のとき} \end{cases} \quad (4.33)$$

と定義する．このとき，家畜総殺処分数の分布関数は

$$\tilde{\sigma}^\xi(n) = \frac{1}{M} \sum_{k=1}^M \mu_{(k)}^\xi(n) \quad (4.34)$$

で近似される．なお， $\mu_{(k)}^\xi(n)$ はダミー変数であり，

$$\mu_{(k)}^\xi(n) = \begin{cases} 1 & : \sum_{i=1}^N \nu_{i(k)}^\xi m_i \leq n \text{ のとき} \\ 0 & : \sum_{i=1}^N \nu_{i(k)}^\xi m_i > n \text{ のとき} \end{cases} \quad (4.35)$$

と定義される．

空間的範囲

戦略 $\xi \in \Xi$ の下で，最終時点 $t = T$ における感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_h$ が生起する確率 $\tilde{P}_h^\xi(T)$ を用いて，最終時点において殺処分の対象となる農場の確率分布を求めることができる．分析目的により，多様な空間的範囲を定義できるが，たとえば，終息時点において殺処分の対象となる確率が $\tilde{\pi}$ ($0 \leq \tilde{\pi} \leq 1$)以上となる農場集合 $\Psi^\xi(\tilde{\pi})$ は

$$\tilde{\Psi}^\xi(\tilde{\pi}) = \left\{ i \mid \frac{1}{M} \sum_{k=1}^M \nu_{i(k)}^\xi \geq \tilde{\pi}, i = 1, \dots, N \right\} \quad (4.36)$$

で与えられる．

発生期間長

すべての農場 i ($i = 1, \dots, N$)においてミクロ状態 \tilde{s}_i^h が0もしくは $\iota_i + 3$ の値をとった時点で口蹄疫が終息する．サンプルパス k 上における感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_{(k)}^\xi(t) = \{\tilde{s}_{1(k)}^\xi(t), \dots, \tilde{s}_{N(k)}^\xi(t)\}$ において，農場 i の時点 t のミクロ状態が0もしくは $\iota_i + 3$ であるかどうかを示すダミー変数 $\tilde{o}_{i(k)}^\xi(t)$ ($i = 1, \dots, N$)を

$$\tilde{o}_{i(k)}^\xi(t) = \begin{cases} 1 & \tilde{s}_{i(k)}^\xi(t) = 0 \text{ の時} \\ 1 & \tilde{s}_{i(k)}^\xi(t) = \iota_i + 3 \text{ の時} \\ 0 & \text{それ以外の時} \end{cases} \quad (4.37)$$

と定義する．さらに，ダミー変数 $\tilde{O}_{(k)}^\xi(t)$ を

$$\tilde{O}_{(k)}^\xi(t) = \begin{cases} 1 & \sum_i \tilde{o}_{i(k)}^\xi(t) = N \text{ and} \\ & \sum_i \tilde{o}_{i(k)}^\xi(t-1) < N \text{ の時} \\ 0 & \text{それ以外の時} \end{cases} \quad (4.38)$$

と表せば、戦略 $\xi \in \Xi$ の下で、時点 t において口蹄疫が終息する確率 $\Lambda^\xi(t)$ ($t = 1, \dots, T$) は

$$\tilde{\Lambda}^\xi(t) = \frac{1}{M} \sum_{k=1}^M \tilde{O}_{(k)}^\xi(t) \quad (4.39)$$

で近似される。

4.5 適用事例

4.5.1 適用事例の概要

本章では、2010年に発生した宮崎県における口蹄疫の発生事例⁴⁸⁾のデータを用いて口蹄疫の空間伝染モデルを作成するとともに、最適伝染リスク抑止モデルを用いて、最適な予防的殺処分の空間的範囲を求める。本章の問題意識は、口蹄疫の発症が確認される以前の時点に遡り、口蹄疫が発生した場合に備えた望ましい対応方策を検討することにある。宮崎県を対象地域としてとりあげるのは、口蹄疫の発生・伝染過程に関するデータが入手可能であり、それに基づいて口蹄疫伝染モデルを推計することが可能であるためである。当然のことながら、(口蹄疫が発生していない)計画策定段階においては、口蹄疫の発生・伝染過程は不確実であり、口蹄疫の発生が確認された場合、空間的伝染による期待被害額を可能な限り小さくするように事前の地域対応計画を策定することが求められる。本章では、2010年の宮崎県口蹄疫による被害データを用いた分析を試みるが、あくまでも思考実験として望ましい口蹄疫伝染抑止方策について検討するものであり、2010年における口蹄疫発生・伝染とそれに対する対応について事後評価することを目的とするものではないことを断わっておく。

農林水産省は、口蹄疫の発症農場とその対応実績をHP上に公開しており、口蹄疫に感染した家畜頭数、家畜の種類、感染発覚日、殺処分実施日、ワクチン投入日に関する情報が入手可能である。また、2005年度の宮崎県の農林業センサス(集落別)データを用いて、農場の位置情報に関するデータベースを作成した。ただし、同センサスでは、畜産農家に関する情報を集落単位に集計化しており、各個別の畜産農家に関する情報は入手可能ではない。このため、発症していない農場の位置や家畜頭数、家畜の種類に関する情報が得られない。そこで、口蹄疫に感染していない畜産農家は、全て集落の面積データの重心位置に立地していると仮定する。今回

表-4.1 パラメータの推計結果

	期待値	信用区間	Geweke統計量
θ_0	1.07	(0.985,1.157)	0.109
θ_1	0.00601	(0.00422,0.00781)	-0.364
θ_2	0.000801	(0.000619,0.000982)	0.720

対象とする農場総数は $N = 1044$ であり、終息日は $T = 77$ (日)である。宮崎県の口蹄疫の発症事例では、2010年3月26日に発症が疑われる家畜が確認された。4月20日に疫学検査により、口蹄疫の発症が確認され、同日、最初の患畜および擬似患畜の殺処分が実施された⁴⁸⁾。擬似患畜の発生から口蹄疫の発症が確認されるまで26日間を要している。しかし、その後の関係機関の努力により、口蹄疫の伝染は宮崎県内にほぼとどまり、殺処分・埋却の防疫措置は6月30日に終了した。移動・搬出制限区域は家伝法に基づき順次解除され、7月27日には県内全域での制限区域が解除されている⁴⁸⁾。しかし、口蹄疫の感染確認から4ヶ月にわたり約28万9千頭の家畜が処分されている。

4.5.2 空間伝染モデルの推計結果

口蹄疫の潜伏期間長に関して、牛6.2日、豚10.6日と報告されている⁴⁹⁾。モデル推計にあたっては潜伏期間長を日単位としているため、それぞれ7日、11日に設定した。以上のデータに基づいて、マルコフ連鎖モンテカルロ (Markov Chain Monte Carlo: MCMC) 法を用いて空間伝染モデルのパラメータを推計した。MCMC法を用いた空間伝染モデルの推計に関する詳細は阿部ら³¹⁾を参照して頂きたい。同モデルのパラメータ推計値を、一括して表-4.1に示している。表-4.1の第2列は、MCMC過程で発生した各パラメータサンプルの期待値を示している。また、第3列は、標本順序統計量を用いて算出した95%信用区間を示している。各パラメータ値の95%信用区間の中には0が含まれていない。第4列は、Geweke検定統計量を示している。パラメータサンプリングにおいては、各パラメータに対して10,000個のサンプルを発生させたが、はじめの2000個のサンプルは定常過程への収束段階のサンプルと考え、パラメータの統計量算定の対象から除外した。同表に示すように、Geweke検定統計量の絶対値はいずれも1.96を下回っており、有意水準5%で「MCMC法によるパラメータサ

ンプリング過程が定常状態に収束している」という仮説を棄却できない．空間伝染モデルにはパラメータサンプルの期待値を用いる．以上のような手順で推計した空間伝染モデルは

$$\rho_i(\mathbf{S}_h) = 1 - \exp \left\{ - \left(0.00601m_i^1 + 0.000801m_i^2 \right) \sum_{j \in J(\mathbf{S}_h)} d_{ij}^{-1.07} \right\} \quad (4.40)$$

と表すことができる．

4.5.3 分析結果の考察

口蹄疫は非常に伝染力が強く、潜伏期間中であっても伝染リスクが存在する．一方で、潜伏期間中の家畜に関しては、口蹄疫感染の有無を確認することが困難である．このため、口蹄疫の発症農場の近傍に位置する農場においては、口蹄疫感染の有無に関わらずすべての家畜が予防的殺処分の対象となる⁵⁰⁾．口蹄疫の空間的伝染リスクを抑制するためには、予防的殺処分の対象とする空間的範囲を大きくすることが望ましい．しかし、空間的範囲を拡大すれば殺処分による経済損失が大きくなる．このため、口蹄疫の空間的伝染リスクを考慮したうえで、期待経済損失が可能な限り小さくなるような予防的殺処分の空間的範囲を決定することが必要となる．しかし、現実には、殺処分を実施するための資源に限界があり、各時点における処理能力に限界がある．予防的殺処分が計画どおりに実施できない場合、殺処分の実施が遅延し、口蹄疫の伝染リスクが増加する可能性がある．殺処分能力に限界がある場合、殺処分の優先順位を設定することが必要となる．さらに、口蹄疫の伝染を抑止するために、予防的殺処分の対象となる農場の中で、殺処分の実施が遅延が生じる農場ではワクチンが接種される．4.2.3で言及したように、現行法の下ではワクチン接種は口蹄疫の伝染を抑止することに一定の効果があるものの、感染を完全を抑止するものではないとし、ワクチン接種された家畜は殺処分の対象とされる．すなわち、ワクチン接種は殺処分能力の限界に対する一時的措置にすぎず、殺処分能力に余裕が生じた場合には処理が実施される．本章では予防的殺処分の対象となる農場では、必ずワクチン接種が実施されるものの、伝染リスクを安全側に評価するため、ワクチン接種による伝染抑止効果は存在しないと仮定する．したがって、殺処分能力に限界がある場合、殺処分の優先順位とワクチン接種範囲(接種の優先順位)の決定が重要な戦略変数となる．

本章では，殺処分の優先順位に関して，以下のルールを設ける．すなわち，1) 口蹄疫の発症が確認された農場においては，ただちに口蹄疫が発症した患畜に対して殺処分を実施する．患畜に関する殺処分能力には制約が存在しないと考える．2) 口蹄疫の発症が確認された農場において未発症の家畜に対する予防的殺処分を優先的に実施する．3) 口蹄疫の発生は観察されていないが，予防的殺処分の対象となる農場においては，発症農場から空間距離が近い農場から，順次殺処分を実施する．ある時点における殺処分数が処理能力の上限 L に到達した農場においては，残りの家畜の殺処分は，つぎの時点に先送られる．なお，殺処分の優先順位を伝染確率 $\hat{\rho}_i(\tilde{S}_{(k)}^f(t))$ を用いて判断することも可能であるが，現実的口蹄疫の発症が確認され，その伝染抑止のため予防的殺処分が実施される状況においては，可能な限り簡便で，かつ被災者である酪農家に説明が容易なルールの方が望ましい．したがって，予防的殺処分の優先順位は，最寄りの発症農場からの空間距離を用いて判断する．同様の理由により，予防的殺処分の対象となる農場に関しても，最寄りの発症農場からの空間距離を用いて決定する．なお，ワクチン接種に関しては制約が存在せず，新たに予防的殺処分の対象となった家畜にただちにワクチン接種が実施される．

4.4.2 で言及したように，最適伝染リスク抑止モデルを構成する感染システム状態変数の数が膨大になるため，感染システム状態の時間変化パターンをマルコフ連鎖モデルを用いて明示的に記述することは不可能である．本章では，図-4.2 に示すように準モンテカルロ法を用いて，時間的に展開する感染システム状態の推移パターンを表すサンプルパスを発生させる．各サンプルパス上では，感染システム状態は確定値であり，伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ を与件とすれば，計画的対応期間における殺処分，ワクチン接種する農場が確定的に求まる．本章では感染システム状態の推移サンプルパスを，伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ のそれぞれに対して100,000本発生させることにより期待被害額を算定するとともに，伝染抑止戦略を逐次変化させ期待被害額を最小にするような予防的殺処分を実施する空間的範囲を求めることとした．この場合，初期対応準備期間長，および地域の殺処分能力を変化させれば，予防的殺処分の最適空間範囲も異なる可能性がある．初期対応準備期間は可能な限り短い方が望ましい．宮崎県が作成して防疫マニュアル⁵¹⁾に従えば，発症事例が発見され，防疫体制の確立，殺処分の実行までのプロセスが2日間で完了できることが報告されている．このマニュアルでは，関連主体が事前にスタンバイしており，す

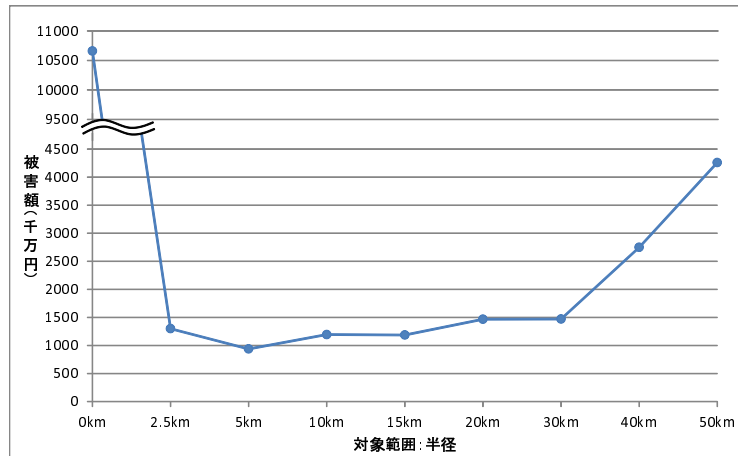


図-4.3 予防的殺処分の対象範囲と期待被害額の関係

すべての行動が遅延なく実施された理想的な状況を想定している．現実には，すべての関連主体が防疫に関わる意思決定や行動を遅延なく実施することは非常に困難であると考え．筆者らのヒアリングの結果に基づいて，検体の輸送時間，事務処理，検査時間を考慮すれば，最低限1週間程度必要であると判断した．そこで，ベンチマークケースとして，7日間で初期対応準備期間が終了し，かつ地域の殺処分能力に制約条件が存在しないような状況を想定し，予防的殺処分の最適空間的範囲を求めることとする．もちろん，初期対応準備時間は短い方が望ましいことは明白であり，初期対応時間を変化させたケースに対して感度分析を試みる．また，2010年における口蹄疫の発症事例に基づいて，時点 $y = \tau$ における初期感染状態 $\tilde{S}_{(k)}$ を設定した．なお，感染システム状態のすべてを網羅するようにサンプルパスを発生することは不可能であり，図-4.2で求めた期待被害額は近似値に過ぎない．期待被害額の近似精度に関しては，のちに4.5.5で議論する．

以上の考え方で，予防的殺処分の対象範囲(発症農場からの空間距離)と初期時点において定義される期待被害額の関係进行分析した結果を図-4.3に示す．ここで，牛と豚の被害額は，平成25年4月分食肉流通統計⁵²⁾を参考にして，それぞれ47.1万円，3.5万円として被害総額を算出している．この図より，口蹄疫の発症が確認された農場のみを対象として殺処分を実施する場合(同図では半径0kmと記載している)，口蹄疫の他農場への伝染を阻止することが困難であり，結果的に期待被害額が極めて大きな値になる．口蹄疫の発症が確認された農場に近接する農場の家畜も口蹄疫に感染している可能性が大きく，空間的に近接した農場において(口蹄疫の発

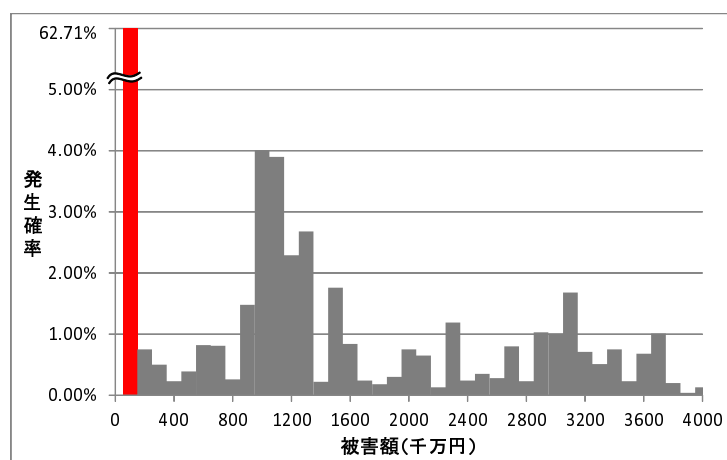


図-4.4 被害額の発生確率

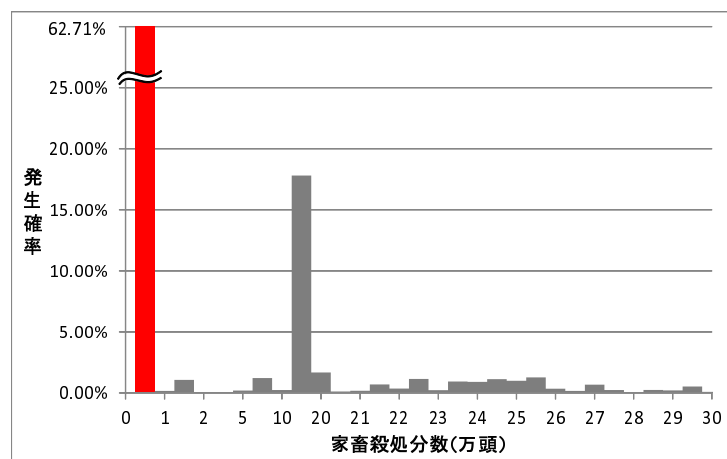


図-4.5 家畜殺処分数の発生確率

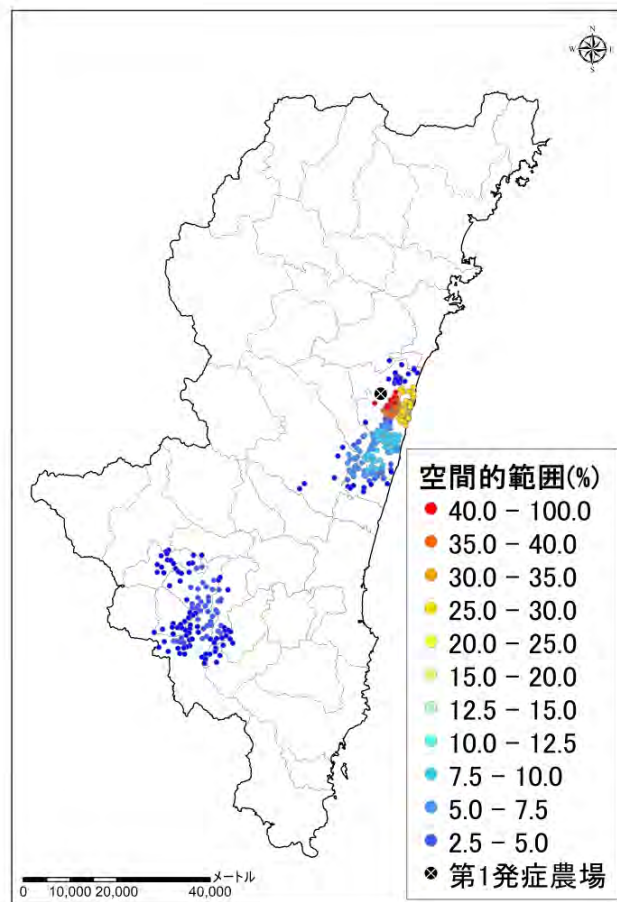


図-4.6 空間的範囲の分布

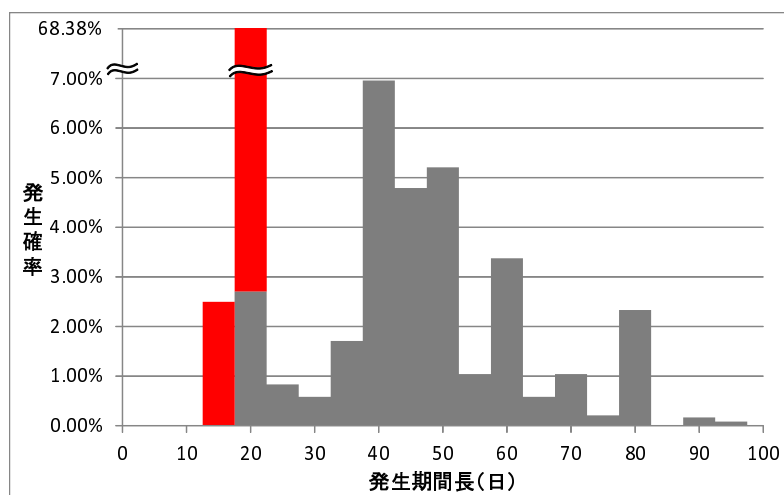


図-4.7 発生期間長の発生確率

症が確認されていなくても), 予防的殺処分を実施することが求められる。同図では, 発症農場を中心とする空間的半径を予防的殺処分の対象となる農場の範囲を表すパラメータと考え, これらのパラメータと期待被害額の関係を示している。パラメータ値を0kmから大きくすることにより期待被害額が減少する。しかし, パラメータ値が5kmを超えると, 予防的殺処分の対象範囲が広がることにより, 伝染確率が小さい家畜も予防的殺処分の対象となる可能性が増加し, その結果期待被害額が増加する。特に, 対象範囲の半径を30km以上にした場合, 期待被害額が急速に増加する。本章では, 計算に用いたパラメータ値の中で期待被害額が最小になった半径5kmを予防的殺処分の最適空間範囲として採用することにした。宮崎県の事例では発症農場から半径10km以内にある農場が予防的殺処分対象の対象となっており, 本章で求めた空間的範囲よりも広域的な設定になっている。ただし, 本章で求めた最適範囲は, あくまでも1週間で初期対応準備期間が完了し, ただちに予防的殺処分を実施できるという前提で求めた結果である。

さらに, 図-4.4 から 図-4.7 には 4.4.3 で定義したリスク評価指標を用いて, ベンチマークケースにおいて最適伝染抑止戦略を採用した場合に実現する口蹄疫伝染リスクを評価した結果を示す。前述したように, ベンチマークケースは初期対応を7日間で対応し, 最適抑止戦略を採用した場合を想定している。さらに, 殺処分能力に制約がなく, 初期対応準備期間が終了した時点(計画対応期間の初日)で, 直ちに殺処分対象となる農場において殺処分が完了することを想定している。口蹄疫の伝染・抑止過程に関する多くのサンプルパスにおいて, 計画的対応期間の初日にすべての予防的殺処分が完了し, 口蹄疫の2次的伝染を抑止できることが理解できる。図-4.4, 4.5, 4.7において, 赤色で表記している部分は, 2次的伝染が発生せず, 初期的殺処分により口蹄疫の伝染を抑止できたケースに該当している。しかし, 口蹄疫の伝染力が強いために, 予防的殺処分の対象となる範囲の外側(半径5km以上)に位置する農場の家畜が, 初期対応準備期間中に口蹄疫に感染し, 初期的殺処分が終了したのちに, あらためて口蹄疫が発症する事例が存在する。図-4.7に示すように, 発生期間長が20日前後のサンプルが数多く存在する。計画期間初日に初期的殺処分を実施した後も, 初期対応準備期間中に口蹄疫が感染した農場で口蹄疫が発症する可能性がある。口蹄疫発症までに潜伏期間(牛7日, 豚11日)が存在するため, 口蹄疫発生期間長が20日前後となるサンプルが数多く現れる。しかし, 口蹄疫の2次伝染の可能性が存在するため, 発生期間長が20日以上となるサンプルも存在す

る．このように，2次的，あるいはそれ以上の追加的伝染により，口蹄疫が伝染拡大していくようなサンプルが存在する．また，図-4.6に示すように，初期発症農場から空間的に離れた宮崎県南西部に口蹄疫が伝染する可能性を否定できない．2010年に生じた宮崎県の口蹄疫伝染災害においても，このように空間的に離れた地域への伝染事例が数多く観察されている．このように口蹄疫伝染においては，初期的殺処分が終了したのちも，2次伝染，追加伝染により，口蹄疫が空間的に伝染する可能性があるため，最終的に口蹄疫伝染の終息が確認されるまで，広域的な防疫体制を継続的に維持することが不可欠である．ここで，ベンチマークケースでは，初期対応準備期間を1週間で完了させ，防疫に関する地域キャパシティに制約がないような理想的な状況を想定していることに留意する必要がある．以上の分析結果は，理想的な防疫体制により口蹄疫の空間的伝染の抑止に努めても，口蹄疫伝染リスクを完全に抑止することは不可能であることを示唆している．換言すれば，殺処分というリスクコントロール政策だけでは，口蹄疫の伝染による経済損失をゼロにすることは不可能である．対象地域における畜産農家の経済被害をさらに抑止するためには，経済損失の補填，保険制度等，リスクファイナンス手法の適用を導入せざるを得ない．

4.5.4 感度分析

2010年の口蹄疫災害の場合，初期対応準備に遅延が発生したり，地域における殺処分能力に限界が存在したため，口蹄疫伝染リスクがさらに拡大することとなった．4.5.3で分析した結果は，理想的な状況の中で，口蹄疫の伝染リスクをどの程度抑止することが可能であるかという1つのベンチマーキングを提供するものである．以下では，初期対応準備期間に遅延が生じたり，殺処分能力に制約が存在する場合をとりあげ，これらの状況が口蹄疫伝染リスクに及ぼす影響を分析する．ただし，感度分析のパラメータである初期対応準備期間長，殺処分能力以外の入力パラメータと最適抑止策に関してはベンチマークケースで採用した値を用いていることを断っておく．

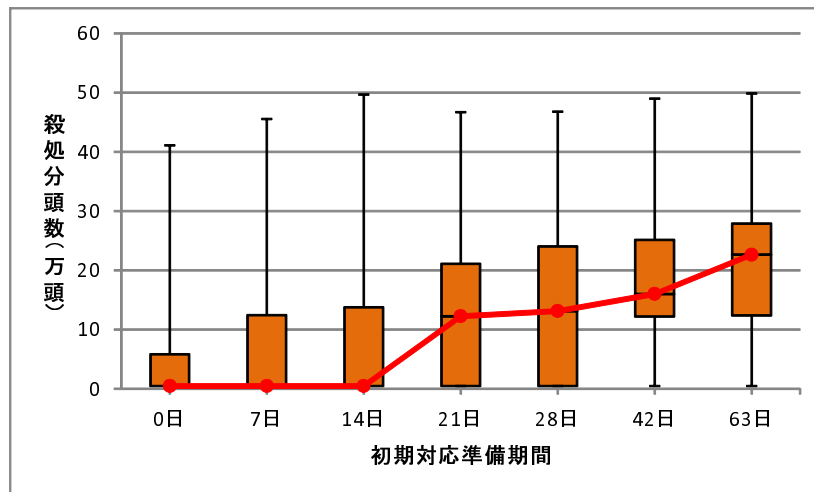


図-4.8 初期対応準備期間と家畜殺処分数の関係

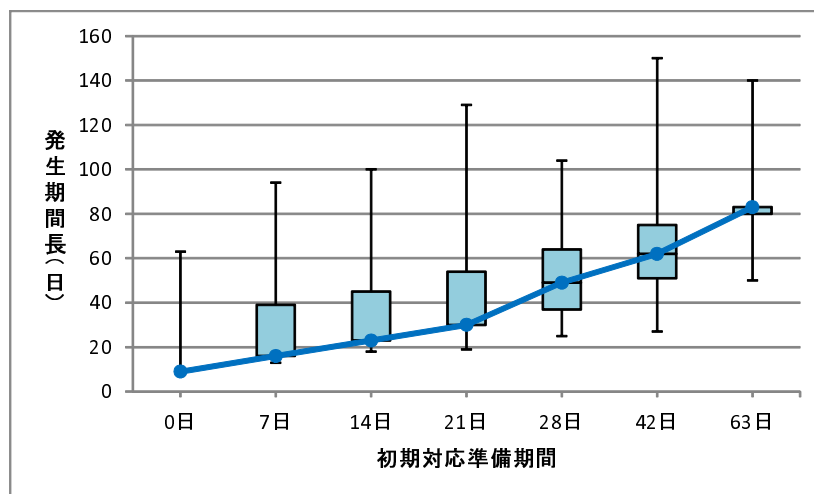


図-4.9 初期対応準備期間と発生期間長の関係

初期対応準備期間と伝染リスク

初期対応準備期間は、地域で口蹄疫の発症が観察されてから1頭目（1農場目）の殺処分が行われるまでの期間を表す。迅速な検査、情報の伝達、殺処分の実施体制の事前準備等が影響を及ぼす戦略変数であり、口蹄疫リスクを軽減するためには初期対応準備期間の短縮が望まれる。図-4.8, 図-4.9は、それぞれ横軸に初期対応準備期間、縦軸に殺処分数、発生期間長を用いた箱ひげ図を表す。折れ線は中央値を示している。箱ひげ図の箱は、対象とする変数ごとに、当該変数値の中央値を含んで上下25%~75%の範囲に相当する区間を示している。ひげの部分は、シミュレーションによる変数値が存在する範囲を示している。殺処分数においては、初期対応準備期間14日を境にして、初期対応準備期間が長くなると殺処分数が急激に増加することが読み取れる。一方、初期対応準備期間が増加すれば、2次伝染の可能性が増加するため、発生期間長も増加していく。このことから、感染症のリスクマネジメントにおいて、初期対応準備期間長が地域の口蹄疫被害を抑止するために戦略的な変数であることが理解できる。宮崎県を対象とした適用事例に関しては、感染の疑いが認められてから、少なくとも2週間以内に初期対応を完了させることが望ましいことが理解できる。

殺処分能力と伝染リスク

地域において口蹄疫の感染が発生した初期段階では、地域の殺処分能力が問題となることはない。迅速な殺処分の実施を通じて、口蹄疫被害を軽減することが出来る。しかし、一旦、地域で感染が拡大すれば、地域の殺処分能力は重要な戦略変数となる。単位時間あたりに地域で殺処分可能な頭数に上限がある場合、仮に殺処分待ちの家畜数が増えれば、感染した家畜は伝染源として、他の家畜に口蹄疫ウィルスを伝搬させる。そのため、各地域においては潜在的な殺処分能力を保有しておくことが必要となる。例えば、殺処分を実施可能な専門家、非常時の地域間の連携、殺処分された家畜の埋没地の事前選定なども地域の殺処分能力を増加させる上での重要な検討事項である。

図-4.10, 図-4.11は、横軸に1日当たりの殺処分能力、縦軸に殺処分数、発生期間長を用いた箱ひげ図をそれぞれ表す。折れ線は中央値を示している。図-4.10, 図-4.11が示すように、地域の殺処分能力の増加は、結果的に殺処分数を減少させ、発生期

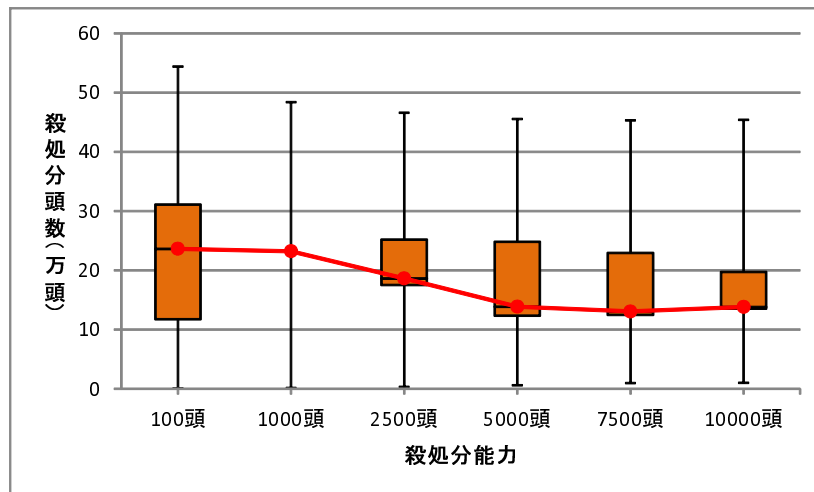


図-4.10 殺処分能力と家畜殺処分数の関係

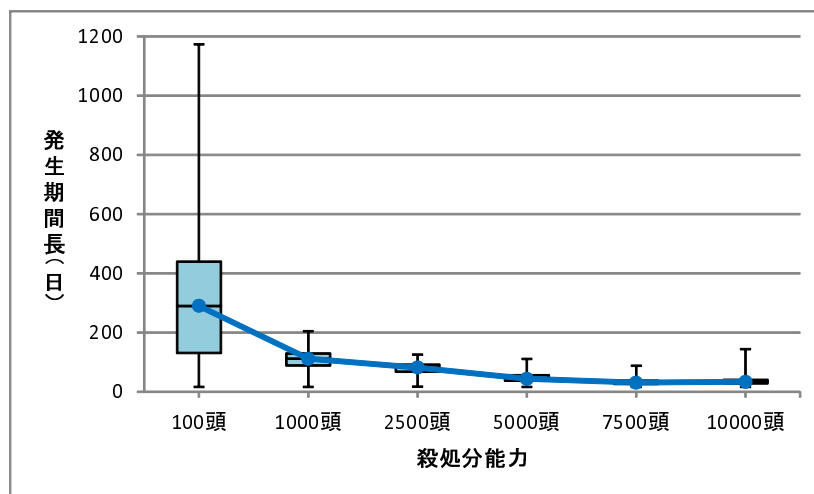


図-4.11 殺処分能力と発生期間長の関係

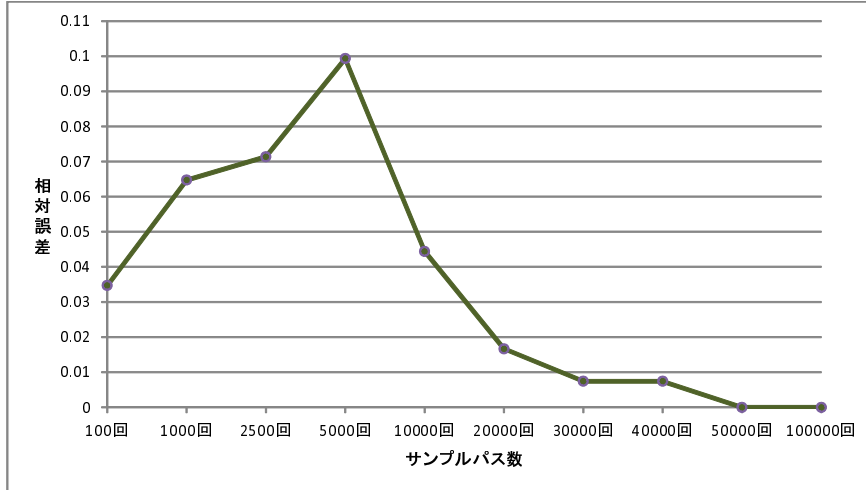


図-4.12 サンプルパス数と相対誤差の関係

間長を短縮させる．例えば，図-4.11において，殺処分能力が100頭の場合の発生期間長の中央値は290日であり，殺処分能力を1000頭以上とした場合に比べて約200日の差が見られ，殺処分能力の増加は，発生期間長の短縮に対して一定の効果がある．しかし，図-4.10において，殺処分能力が5000頭以上となると，殺処分頭数に大きな変化が見られない．事前対策の段階で少なくとも5000頭の殺処分能力を確保することが重要である．

4.5.5 分析精度の検討

本章では最適伝染リスク抑止モデルの状態変数の数が膨大になるため，準モンテカルロシミュレーションを用いて伝染抑止戦略 $\xi \in \Xi$ の下で実現する可能性のある口蹄疫の伝染・抑止過程のサンプルパスを発生させる．その上で，初期時点における期待被害額 $\tilde{V}^{\xi}(\mathbf{S}_0)$ を式(4.30)を用いて近似的に評価する．最適伝染リスク抑止モデルの解法の精度を評価する上で，期待被害額の近似精度が重要な課題となる． m 本のサンプルパスを用いて評価した期待被害額 $\tilde{V}^{\xi}(\mathbf{S}_0 : m)$ を

$$\tilde{V}^{\xi}(\mathbf{S}_0 : m) = \frac{1}{m} \sum_{k=1}^m C_{(k)}^{\xi}(\mathbf{S}_0) \quad (4.41)$$

と表記する．最終的に M 本のサンプルパスを発生した場合に獲得できる期待被害額を $\tilde{V}^{\xi}(\mathbf{S}_0 : M)$ と表す．このとき， m 本のサンプルパスを用いて評価した $\tilde{V}^{\xi}(\mathbf{S}_0 : m)$

と $\tilde{V}^\xi(\mathbf{S}_0 : M)$ の相対誤差 $ERR(m, M)$ を

$$ERR(m, M) = \frac{|\tilde{V}^\xi(\mathbf{S}_0 : m) - \tilde{V}^\xi(\mathbf{S}_0 : M)|}{\tilde{V}^\xi(\mathbf{S}_0 : M)} \quad (4.42)$$

を定義する．本章の適用事例では $M = 100,000$ と設定している．図-4.12 にサンプルパス数 m と相対誤差 $ERR(m, M)$ の関係性を評価した結果を示している．サンプルパス数が 30,000 個以下の場合には，サンプルパス数が増加するほど相対誤差 $ERR(m, M)$ が増加する．すなわち，サンプルパス数が少ない場合，サンプリングごとに多様な伝染・抑止過程サンプルが出現し，サンプルパス数が増加することにより相対誤差が逆に増加する．サンプルパス数が 30,000 個を超えた段階から，期待被害額は次第に収束する結果となる．相対誤差を 0.01 を収束判定基準と考えれば，30,000 回以上のサンプルパスが必要となる．相対誤差 $ERR(m, M)$ を定義するに際して，期待被害額の真値を知ることができないため，サンプルパス数を m 本用いて近似した期待被害額の精度を M 本のサンプルパスを用いて算定した期待被害額との相対的な誤差で定義している．本章の適用事例では，サンプルパス数 m が 50,000 本を超えた段階で，相対誤差 $ERR(m, M)$ はほぼ 0 に収束している．本適用事例では，最適伝染リスク抑止モデルの伝染・抑止過程のサンプルパス数を 100,000 回に設定しシミュレーションを行っているが，期待被害額を用いて最適抑止策を求めるためには十分な近似精度が得られていると判断できる．

参考文献

- 1) Kermack, W.O. and McKendrick, A.G.: Contributions to the mathematical theory of epidemics I, Proceedings of the Royal Society 115A: 700-721, 1927. (reprinted in *Bulletin of Mathematical Biology*, Vol.53, pp.33-55, 1991.)
- 2) Diekmann, O., Heesterbeek, J.A.P. and Metz, J.A.J.: On the definition and the computation of the basic reproduction ratio R_0 in models for infectious diseases in heterogeneous populations, *Journal of Mathematical Biology*, Vol.28, pp.365-382, 1990.
- 3) Dietz, K.: The estimation of the basic reproduction number for infectious diseases, *Statistical Methods in Medical Research*, Vol.2, pp.23-41, 1993.
- 4) Heesterbeek, J.A.P.: A brief history of R_0 and a recipe for its calculation, *Acta Biotheoretica*, Vol.50, pp.189-204, 2002.
- 5) Inaba, H. and Sekine, H.: A mathematical model for Chagas disease with infection-agedependent infectivity, *Mathematical Bioscience*, Vol.190, pp.39-69, 2004.
- 6) May, R.M. and Lloyd, A.L.: Infection dynamics on scale-free network, *Physical Review E*, Vol.64, pp.66-112, 2001.
- 7) Nowak, M.A. and May, R.M.: *Virus Dynamics: Mathematical Principles of Immunology and Virology*, Oxford University Press, Oxford, 2000.
- 8) 西浦博, 稲葉寿: 感染症の流行: 感染症数理モデルにおける定量的課題, 統計数理, Vol.54, No.2, pp.461-480, 2006.
- 9) Anderson, R.M. and May, R.M.: *Infectious Diseases of Humans: Dynamics and Control*, Oxford University Press, 1991.
- 10) Diekmann, O. and Heesterbeek, J.A.P.: *Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases: Model Building, Analysis and Interpretation*, John Wiley and Sons, 2000.

- 11) Thieme, H.R.: *Mathematics in Population Biology*, Princeton University Press, 2003, ホルスト・R・ティーム: 生物集団の数学(上) 人口学, 生態学, 疫学へのアプローチ, 日本評論社, 2006.
- 12) 稲葉寿 (編著): 感染症の数理モデル, 培風館, 2008.
- 13) Ohkusa, Y. and Sugawara, T.: Simulation model of pandemic influenza in the whole of Japan, *Japan Journal of Infection Diseases*, Vol.62, pp.98-106, 2009.
- 14) Halloran, M.M., Longini, I.M., Cowart, D.M. and Nizam, A.: Community interventions and the epidemic prevention potential, *Vaccine*, Vol.20, pp.3254-3262, 2002.
- 15) Gomes, M.G., White, L.J., and Medley, G.F.: Infection, reinfection, and vaccination under suboptimal immune protection: epidemiological perspectives, *Journal of Theoretical Biology*, Vol.228, Issue 4, pp.539-549, 2004.
- 16) Breban, R. and Blower, S.: Letter to Editor: The reinfection threshold does not exist, *Journal of Theoretical Biology*, Vol.235, pp.151-152, 2005.
- 17) Gomes, M.G., White, L.J., and Medley, G.F.: The reflection threshold, *Journal of Theoretical Biology*, Vol. 236, Issue 1, pp.111-113, 2005.
- 18) Kermack, W.O. and Mckendrick, A.G.: Contributions to the mathematical theory of epidemics. II. The problem of endemicity, *Proceedings of the Royal Society*, 138A, pp.55-83, 1932.
- 19) Kermack, W.O. and Mckendrick, A.G.: Contributions to the mathematical theory of epidemics. III. Further studies of the problem, *Proceedings of the Royal Society*, 141A, pp.94-122, 1933.
- 20) Inada, H.: Kermack and McKendrick Revisited: The variable susceptibility model for infectious diseases, *Japan Journal of Industrial and Applied Mathematics*, Vol.18, No.2, pp.273-292, 2001.
- 21) Kendall, D.G.: Mathematical models of the spread of infection, *Mathematics of Computer Science in Biology and Medicine*, pp.213-225, Medical Research Council, 1965.
- 22) Diekmann, O.: Run for your life. A note on the asymptotic speed of propagation of an epidemic, *Journal of Differential Equations*, Vol.33, Issue 1, pp.58-73, 1979.

- 23) Källén, A.: Thresholds and travelling waves in an epidemic model for rabies, *Nonlinear Analysis*, TMA, 8, pp.851-856, 1984.
- 24) Langer, W.L.: The black death, *Scientific American*, Vol.210, No.2, 1964.
- 25) Noble, J.V.: Geographic and temporal development of plagues, *Nature*, Vol.250, No.5469, pp.726-772, 1974.
- 26) Elveback, L.R., Fox, J.P., Ackerman, E., Langworthy, A., Boyd, M. and Gatewood, L.: An influenza simulation model for immunization studies, *American Journal of Epidemiology*, Vol.103, pp.152-165, 1976.
- 27) Haber, M.J., Shay, D.K., Davis, X.M., Patel, R., Jin, X., Weintraub, E., Orenstein, E. and Thompson, W.W.: Effectiveness of interventions to reduce contact rates during a simulated influenza pandemic, *Emerging Infectious Diseases Journal*, Vol.13, pp.581-589, 2007.
- 28) Yasuda, H., Yoshizawa, N., Kimura, M., Shigematsu, M., Kawachi, S., Oshima, M., Yamamoto, K. and Suzuki, K.: Preparedness for the spread of influenza: prohibition of traffic, school closure, and vaccination of children in the commuter towns of Tokyo, *Journal of Urban Health*, Vol.85, No.4, pp.619-35, 2008.
- 29) Cox, J.T. and Durrett, R.: Limit theorems for the spread of epidemics and forest fires, *Stochastic Processes and their Applications*, Vol.30, pp.171-191, 1988.
- 30) Grassberger, P.: On the critical behavior of the general epidemic process and dynamical percolation, *Mathematical Biosciences*, Vol.63, Issue 2, pp.157-172, 1983.
- 31) 阿部真育, 吉田護, 小林潔司, 紅谷昇平: 口蹄疫の空間伝染モデリング, 土木学会論文集D3 (土木計画学), Vol. 68, No. 4, p.369-387, 2012.
- 32) Keeling, M.J., Woolhouse, M.E.J., Shaw, D.J., Louise Matthews, L., Chase-Topping, M., Haydon, D.T., Cornell, S.J., Kappey, J., Wilesmith, J., and Grenfell, B.T.: Dynamics of the 2001 UK foot and mouth epidemic: Stochastic dispersal in a heterogeneous landscape, *Science*, Vol.294, No.5543, pp.813-817, 2001.

- 33) Yu, P., Habtemariam, T., Wilson, S., Oryang, D., Nganwa, D., Obasa, M., and Robnett, V., A risk-assessment model for foot and mouth disease (FMD) virus introduction through deboned beef importation, *Preventive Veterinary Medicine*, Vol.30, Issue 1, pp.49-59, 1997.
- 34) Martinez-López, B., Perez, A.M., De la Torre, A., and Sánchez-Vizcaino Rodriguez, J.M.: Quantitative risk assessment of foot-and-mouth disease introduction into Spain via importation of live animals, *Preventive Veterinary Medicine*, Vol.86, pp.43-56, 2008.
- 35) Morley, R.S.: A model for the assessment of the animal disease risks associated with the importation of animals and animal products, *Rev. Sci. Tech. Off. Int. Epiz.*, Vol.12, No.4, pp.1055-1092, 1993.
- 36) Schijven, J., Rijs, G.B.J., and de Roda Husman, A.M.: Quantitative risk assessment of FMD virus transmission via water, *Risk Analysis*, Vol.25, No.1, pp.13-21, 2005.
- 37) Alexandersen, S., Brotherhood, I., and Donaldson, A.I.: Natural aerosol transmission of foot-and-mouth disease virus to pigs: minimal infectious dose for strain O1 Lausanne, *Epidemiology and Infection*, Vol.128, pp.301-312, 2002.
- 38) 村上洋介:口蹄疫ウィルスと口蹄疫の病性について, 日本獣医士会誌, Vol.53, pp.257-277, 2000.
- 39) 農林水産省:口蹄疫に関する特定家畜伝染病防疫指針, 平成16年.
- 40) 鹿児島県:鹿児島県口蹄疫防疫対策マニュアル, 2012.
- 41) Christiane, L.: *Monte Carlo and Quasi-Monte Carlo Sampling*, Springer, 2008.
- 42) Niederreiter, H.: *Random Number Generation and Quasi-Monte Carlo Methods*, Society for Industrial and Applied Mathematics, 1992.
- 43) 田村勉, 白川浩:一般化 Faure 列による準乱数とそのオプション評価への応用, *JAFEE Journal*, pp.95-111, 1999.
- 44) Shinoda, M.: Quasi-Monte Carlo simulation with low-discrepancy sequence for reinforced soil slopes, *Journal of Geotechnical and Geoenvironmental Engineering*, pp.393-404, Vol.133, No.4, 2007.

- 45) 篠田昌弘, 佐藤忠信, 米澤豊司: 複数の潜在的すべり線を有する斜面の限界状態超過確率の効率的な算定方法, 土木学会論文集C, Vol.63, No.3, pp.812-824, 2007.
- 46) 篠田昌弘, 米澤豊司, 丸山修, 小島謙一: ライフサイクルコストを用いた地震時の補強盛土の経済的評価, 土木学会論文集C, Vol.65, No.2, pp.506-517, 2009.
- 47) Fox, B.L.: ACM Algorithm 647: Implementation and relative efficiency of quasirandom sequence generators, *ACM Transactions on Mathematical Software*, Vol.12, pp.362-376, 1986.
- 48) 宮崎県口蹄疫対策検証委員:2010年に宮崎県で発生した口蹄疫の対策に関する調査報告書, 2011.
- 49) 村上洋介:口蹄疫ウィルスと口蹄疫の病性について, 日本獣医士会誌, Vol.53, pp.257-277, 2000.
- 50) 農林水産省消費・安全局動物衛生課:口蹄疫に関する防疫作業マニュアル, 2011.
- 51) 宮崎県口蹄疫防疫対策本部:宮崎県口蹄疫防疫マニュアル, 2011.
- 52) 農林水産省大臣官房統計部:農林水産統計食肉流通統計(平成25年4月分), 2013

第5章 口蹄疫災害危機管理のためのマルコフネット ワークモデル

5.1 緒言

口蹄疫(foot-and-mouth disease)は家畜の感染によってもたらされる災害リスクであり、世界各国において農家経済に甚大な被害を及ぼしている。口蹄疫は非常に感染力が強い伝染性疾患であり、感染の地域的拡大を抑止するために、口蹄疫が発症した農場だけでなく、近隣地域の農場で育成されている家畜の殺処分が実施される。口蹄疫の発症・拡大が進行した場合、複数の農場で並行的に殺処分が実施される。意思決定者は殺処分を実施するための人材、資材を殺処分対象農場に効率的に配分すると同時に、必要があればより上位の管理主体(国)に救援を依頼することが必要となる。

ある農場における殺処分工程は、複数のアクティビティで構成されるネットワークで表現される。殺処分工程はPERT(Program Evaluation and Review Technique)手法^{1)–3)}を用いて記述できる。殺処分を実施するための人員、資材の調達が遅れれば、殺処分工程に遅れが発生する。地域管理主体は地域で進行している殺処分工程に対して必要な人材や資源を配分する役割を有する。地域全体で展開する殺処分工程は、単一農場における殺処分工程が、時間的なラグを伴いながら、個々の農場における殺処分工程の複数もしくは多数のネットワークにより構成される大規模なネットワークとして表現される。建設工事のように、通常のネットワーク計画においては、対象とするネットワークが事前に確定的に決定されている。しかし、口蹄疫の感染・発症という事象は確率的に発生するため、あらかじめ地域における殺処分工程ネットワーク全体を確定的に記述することは不可能である。

本章では、口蹄疫の伝染・発症過程を阿部等が提案した非定常マルコフ連鎖モデル⁴⁾を用いて記述する。このようなマルコフ連鎖が時空間的場において展開する中で、口蹄疫に感染・発症した患畜が出現した場合、当該の農場および近隣の農場において、殺処分を実施するための工程ネットワークが定義される。口蹄疫の時空間的な伝染過程がマルコフ連鎖モデルで記述されるため、地域全体における殺処分

ネットワークは、個々の農場における殺処分ネットワークがマルコフ連鎖に従って出現するような確率的ネットワークとして記述される。本章では、このように部分的工程ネットワークがマルコフ連鎖に従って出現するような時空間過程をマルコフネットワークモデルと呼ぶこととする。地域管理主体はマルコフネットワーク上で、部分ネットワーク間での人員・資材の転用を計画しなければならない。人員・資材の転用ルールが異なったり、殺処分工程に遅延が発生すれば、その時点以降に出現するマルコフネットワークに影響を及ぼすことになる。

以上の問題意識の下に、本章では口蹄疫の伝染拡大抑制を目的とする危機管理モデルをマルコフネットワークモデルを用いて定式化する。地域政府における意思決定者の立場から、口蹄疫の感染・拡大を抑止するための望ましい人員・資材の配分・運用戦略について分析する。また、地域政府による対応能力を考慮した上で、より上位の政府(国)に対する救援依頼を実施する最適タイミングについて考察する。さらに、宮崎県を対象とした適用事例を通じてモデルの有用性について実証的に検討する。以下、**5.2.**では本章における基本的な考え方を述べる。**5.3.**において殺処分工程モデル、**5.4.**で口蹄疫伝染モデル、**5.5.**で最適資源配分モデルを定式化する。**5.6.**で危機管理モデルを提案し、**5.7.**で適用事例について述べる。

5.2 口蹄疫災害危機管理のためのマルコフネットワークモデルの基本的な考え方

5.2.1 従来の研究概要

感染症の伝染リスクを抑止するためには、ワクチン接種、感染症発生のモニタリング、感染した家畜や患者に対する疫学的対応、人や家畜の移動制限、疫学的措置を実施するための人員や資材の調達等に関する地域防疫計画を事前に策定することが必要である。とりわけ、口蹄疫の感染拡大を抑止するために患畜・疑似患畜の予防的殺処分が実施されるが、それに伴い発生する被害を可能な限り抑止するためには殺処分を効率的に実施することが重要な課題となる。本研究は口蹄疫の伝染拡大という事態に対する危機管理システムの構築という課題に対して、1) 口蹄疫の伝染リスクを記述するための空間伝染モデルの作成、2) 期待被害額を最小にするような最適伝染伝染抑止戦略(予防的殺処分戦略)の決定、3) 最適伝染抑止戦

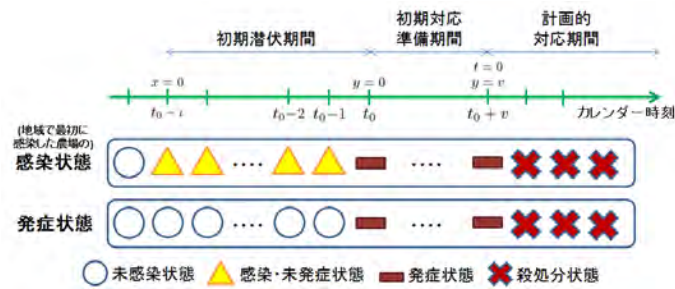


図-5.1 離散的時間軸

略を実行するための資源調達計画の作成を支援するような方法論を開発することを目的としている．このうち，空間伝染モデルに関しては，すでに膨大な研究の蓄積がある．Kermack and McKendrick⁵⁾により提起された伝染症流行モデルは，その後の研究の蓄積⁶⁾⁻¹²⁾を経て数理疫学モデルとして体系化¹³⁾⁻¹⁸⁾され，ワクチンの接種効果¹⁹⁾⁻²¹⁾や再感染²²⁾⁻²⁴⁾を考慮するなどの拡張が試みられている．さらに，空間次元を考慮した決定論的空間伝播モデルが提案されている²⁵⁾⁻²⁹⁾．空間的伝染リスクを評価するためにシミュレーション型空間伝染モデル³⁰⁾⁻³²⁾，伝染病の空間的伝染性を考慮した確率モデル³³⁾⁻³⁵⁾も提案されている．阿部らは，口蹄疫の時空間的伝染過程を，Keelingら³⁴⁾による空間的伝染モデル(以下，Keelingモデルと呼ぶ)に基づいて口蹄疫の空間的伝染過程を非定常マルコフ連鎖モデル(以下，マルコフ空間伝染モデルと呼ぶ)を用いて表現している⁴⁾．また，最適伝染抑止戦略の決定という課題に対しては，筆者ら³⁶⁾は，地域全体における総殺処分数，口蹄疫感染の終息時間や口蹄疫感染の空間的範囲等に関するリスクを定量的に評価することが可能な最適伝染リスク抑止モデル³⁶⁾を提案している．そこでは，マルコフ空間伝染モデル⁴⁾を用いて口蹄疫の空間伝染過程をモデル化し，期待被害額を最小にするような予防的殺処分戦略について考察している．さらに，予防的殺処分能力に関する地域キャパシティが期待被害額に及ぼす影響について分析している．しかし，地域キャパシティを1日当たりの殺処分数で定義しており，人員や資材の調達計画や転用計画に関して評価できる分析枠組みを有していない．

口蹄疫に対する防疫計画を策定する場合，口蹄疫の空間的伝染を抑止するための予防的殺処分対象の決定問題と，予防的殺処分を決定するための人材，資材の調達問題の間には，意思決定上の階層性が存在する．地域に口蹄疫が発生すれば，口蹄疫伝染抑止戦略(予防的殺処分)を実施する空間的範囲と執行期間が決定され

る．このような最適伝染抑止戦略(上位戦略)の決定を受けて，最適伝染抑止戦略を執行するために必要となる人材，資材の調達量が明らかとなる．最適伝染抑止戦略の実行可能性を担保するためには，地域内で即時に調達可能な人材，資材量(地域キャパシティ)を明確にするとともに，必要調達量が地域キャパシティを超過するリスクが大きくなれば，必要なタイミングで，より広域的な行政主体(国)に対して支援を依頼することが不可欠となる．さらに，調達資源量の制約が顕在化した場合を想定し，資源を配分する優先順位を決定することも必要となる．本章では，個別農場における殺処分工程をPERT(Program Evaluation and Review Technique)^{1) - 3)}を用いて表現する．PERTは1つのオーダーに対する複数の作業の位置づけや進捗確認に非常に有用な解析ツールである．しかしながら，同一リソースを用いるオーダー間にまたがった作業進捗や作業順序の把握を行うことは困難であった．同一リソースを用いるジョブの競合問題を解決するために開発された手法が，Goldrattにより提唱されたTOC(Theory Of Constraints)手法^{37), 38)}であり，リソース不足の箇所注目した作業順序の調整手法を提案した．しかしながら，ボトルネックリソースの変化速度は速いため，実用性の低い解析ツールであった．リソース競合下でのPERT手法の実用性を上げるために，杉原ら^{39) - 41)}は，Multi PERTという考え方に基づいたCSM(Concurrent Scheduling Method)を提唱した．CSMでは，クリティカルパスは複数オーダーにおけるリソース負荷超過のパスを示し，1つのオーダーのみを対象とした，PERT手法やTOC手法をより実用的な手法に拡張した．しかし，CSMにおいても，同一意思決定者の管理下での階層構造内リソース競合対応が主要な目的であり，本章で扱う意思決定主体自体の階層性といった概念は取り扱われていない．口蹄疫の感染過程においては，どの農場において口蹄疫が発症するかが不確実であり，事前に地域全体における殺処分工程を確定的に記述できない．むしろ，口蹄疫の具体的な発症箇所，殺処分に対する対応方法に応じて，将来時点における口蹄疫の発生箇所が確率的に進化しているという特殊性を有している．本章においては，阿部らが提案した口蹄疫の空間的感染・抑止過程を表す非定常マルコフ連鎖モデル³⁶⁾の枠組みの中に，個別農場における殺処分工程PERTモデルが埋め込まれたようなマルコフネットワークモデルを提案する．筆者の知る限り，口蹄疫の空間的伝染・抑止過程の進行と対応して殺処分工程PERTモデルが確率的に変動するようなマルコフネットワークモデルに関する研究は見当たらず，ネットワークモデルとしても新規性があると考えられる．さらに，口蹄疫の空間的伝染リスクと人員・資材の調達過程の双方を同時

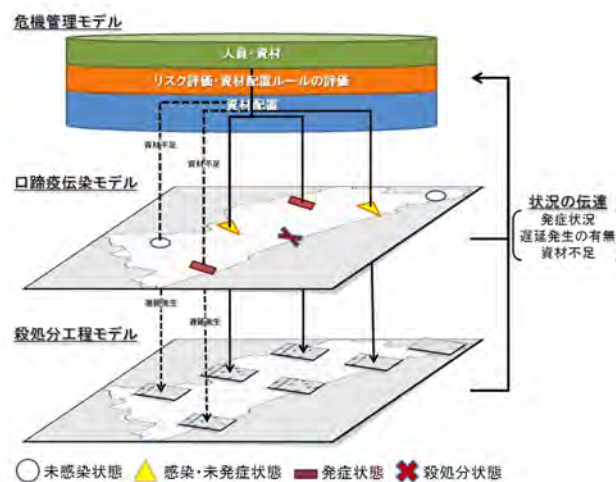


図-5.2 マルコフネットワークモデルの基本構成

に考慮して、望ましい地域防疫戦略を分析するような試みも見当たらない。

5.2.2 マルコフネットワークモデル

口蹄疫の空間的伝染を抑止するための予防的殺処分対象の決定問題と、予防的殺処分を決定するための人材・資材の調達問題の間には、意思決定上の階層性が存在する。地域に口蹄疫が発生すれば、最適伝染抑止戦略(予防的殺処分)を実施する対象農場が決定される。その決定を受けて殺処分を執行するための人材・資材を調達方法が決定される。予防的殺処分戦略の実行可能性を担保するためには、地域内で即時に調達可能な人材・資材量(地域キャパシティ)を明確にするとともに、必要調達量が地域キャパシティを超過するリスクが大きくなれば、必要なタイミングで、より広域的な行政主体(国)に対して支援を依頼することが不可欠となる。さらに、調達資源量の制約が顕在化した場合を想定し、資源を配分する優先順位を地域全体を視野に入れて検討することも必要となる。その際、ある時点における意思決定が次の時点における意思決定の基本情報となり、その関係は口蹄疫の終息宣言がなされるまで続く。従って各時点の意思決定によってその後に展開していく意思決定ネットワークがリアルタイムで変化していくこととなる。時点ごとの意思決定の組み合わせは膨大に発生するため、最適な意思決定フローを決定するための効率的解法が必要となる。

本章では、個別農場において殺処分が実施される工程を、PERTネットワークを用

いて表現する．ある特定の農場を対象とした殺処分工程の手順や手続きに関しては，すでに多くの検討結果が存在する．しかし，口蹄疫の伝染過程では，多くの異なる農場において並行的に殺処分を実施することが必要となる．しかも，どの地域において殺処分を実施することになるかを事前に把握することは不可能である．また，殺処分の実施が遅れたことが，口蹄疫の伝染を拡大する原因になることもある．このように，個々の農場において殺処分を執行するためのPERTネットワークが作成されるが，口蹄疫伝染過程においては人員・資材の配置・転用を通じて複数のPERTネットワークが互いに干渉することになる．マルコフネットワークモデルは，各農場におけるPERTネットワークが確率的に生成されるような確率ネットワークであり，地域全体におけるPERTネットワークを統合した集計的ネットワークの形状がマルコフ確率により推移していくような動的過程を表現している．意思決定者は，口蹄疫の伝染を抑止するために必要な人員・資材を現場に配置するが，必要な人員・資材の配分が遅れれば，殺処分の執行に遅れが発生する．そのことが，さらに新たな口蹄疫感染をもたらし，被害を拡大する可能性がある．地域で調達できる人員・資材量に容量制約がある場合，殺処分の執行に遅延が発生し被害拡大の可能性があるのであるため，意思決定者は，より広域的，あるいは上位の組織，機関に対して支援を要請することが必要となる．マルコフネットワークモデルは，口蹄疫の空間的感染状態を逐次モニタリングしながら，地域キャパシティに制約が出現するリスクを動的に評価することを目的とする．本モデルを用いることにより，口蹄疫に対する危機対応体制を，地域レベルにおける対応モードから，より広域的な対応モードへの推移タイミングに関する重要な情報を作成することが可能となる．

5.2.3 モデルの基本的構成

地域全体における口蹄疫の感染・発症とその終息に至るまでの過程を図-5.1に示すような離散的時間過程として把握する．カレンダー時間上の時刻 y_0 に，ある農場において最初の口蹄疫の発症が確認される．カレンダー時刻 y_0 を始点とする離散時間軸 $y = 0, 1, \dots$ を考える．離散時間軸上の時刻を時点と呼びカレンダー時刻と区別する．最初の発症事例が観察されて，発症が終息するまでの期間を，1) 初期対応準備期間と，2) 計画的対応期間という2つの期間に分類する．最初の発症が発見されたのち，時点 $y = v$ に初動体制が整う． $y = v$ において最初の殺処分が実施され，

対象地域全体において，口蹄疫が終息するまで家畜の移動が全面的に禁止される．離散時間軸上の期間 $[0, v)$ を初期対応準備期間と呼ぶ．初期対応準備期間に口蹄疫の抑止計画が策定される．つぎに，時点 $y = v$ から，口蹄疫の空間的伝染を抑止するための対応が実施される．期間 $[v, v + T]$ を計画的対応期間と呼ぶ． T は計画的対応期間長であり，当該期間内に口蹄疫リスクが終息する．終息時点は口蹄疫伝染過程と対応して内生的に決定されるが，ここでは計画期間長 T を十分大きい整数で与える．記述の便宜を図るため，離散時刻 $y = v$ を $t = 0$ ，終息時点 $y = v + T$ を $t = T$ とする局所的離散軸 $t = 0, \dots, T$ を新たに導入する．計画的対応期間では，口蹄疫を発症，または感染の見込みが高い家畜に対して殺処分を行う．

本章で提案するマルコフネットワークモデルの基本構成を図-5.2に示している．マルコフネットワークモデルは，1) 農場レベルにおけるPERT手法による殺処分工程の遅延分析(殺処分工程モデル)，2) 地域全体における口蹄疫の伝染・抑止過程を表す非定常マルコフ連鎖モデル(口蹄疫伝染モデル)，3) 意思決定者が地域全体における殺処分工程執行の優先順位を決定し，個別農場に対する人員・資材の配置・転用戦略を決定するモデル(危機管理モデル)という3つの部分モデルで構成されており，これらの3つのモデルは図-5.2に示すように互いに情報・戦略を伝達する．殺処分工程モデルは，予防的措置も含めて殺処分が決定した農場において，離散軸上における殺処分の進行をPERT手法を用いて表現する．本モデルは，殺処分が開始された時点から，意思決定者が配置する人員・資材を用いて殺処分の進行過程を管理する．人員・資源の配置が遅延なく進行する限り，殺処分に遅延が生じない．しかし，人員・資材の調達に遅延が発生すれば殺処分工程に遅延が生じる．殺処分工程モデルは，地域全体で展開されている殺処分工程の進行情報をアウトプットとして口蹄疫伝染モデル，危機管理モデルに伝達する．口蹄疫伝染モデルは，殺処分工程の進行状態を与件として，離散軸上で口蹄疫の伝染・抑止過程を表現する，口蹄疫の伝染過程は，非定常マルコフ連鎖モデルで表現する．ただし，状態変数の数が膨大になるため，状態変数のすべてを列挙することは不可能である．本章ではマルコフ連鎖に従うサンプルパスを準モンテカルロシミュレーションにより発生することにより，口蹄疫の空間的伝染・抑止過程をシミュレートする．サンプルパスにおいて，新たに口蹄疫の感染が確認された場合，口蹄疫が発生した農場に関する情報は危機管理モデルに送られる．危機管理モデルは，口蹄疫の伝染抑止過程を制御する役割を持つ．すなわち，危機管理モデルは，1) 口蹄疫伝染モデルで口蹄疫の

発生が新たに確認された農場においては，殺処分工程を表すPERTネットワークを新たに生成する，2) 殺処分対象となる農場を対象として，あらかじめ想定した優先順位に基づいて，殺処分工程に投入される人員・資材を配置する．さらに，空間的伝染モデルによるシミュレーション結果に基づいて口蹄疫の感染拡大リスクを定量化し，人員・資材の配置ルールの望ましさを評価する．以下，**5.3.** で殺処分工程モデル，**5.4.** で口蹄疫伝染モデル，**5.5.** で最適資源配分モデルモデル，**5.6.** で危機管理モデルを定式化する．

5.3 殺処分工程モデル

5.3.1 モデルの概要

対象地域に N 個の農場が存在する．初期時点 y_0 に最初の口蹄疫の発症事例が発生し，それ以降の時点において口蹄疫の伝染過程が口蹄疫伝染モデルに従って進行する．いま，計画対応期間中の時点 t_n に，ある農場 n ($n=1, \dots, N$)において，新たに口蹄疫が発症，もしくは予防的殺処分対象に決定されたと考える．さらに，時点 t_n を始点とする局所離散時点 $\tau_n=0, 1, \dots, T_n$ を考える． T_n は十分大きい正の整数である．当該農場で殺処分工程が完了するまでに K 個のアクティビティを実施する必要がある．アクティビティの集合を A_n で表す．アクティビティ $a_{n,k} \in A_n$ を実施するためには，タイプ k の資源が $r_{n,k}$ 単位必要となる．各アクティビティを実施するための資源は専門化されており，あるアクティビティに投入する資源を別のタイプのアクティビティに投入することはできない．殺処分の執行のための要因・資源はアクティビティごとに一定単位にグループ化される．グループの資源量は同一である．したがって，規模の大きい農場においては，アクティビティ実施のためにより多くの時間が必要とされる．ある．必要となる資源がすべて調達できないとアクティビティを開始できない．一度，アクティビティが開始されれば，アクティビティが完了するまで資源が優先的に割り当てられると考える．

5.3.2 PERTネットワーク

農場 n ($n=1, \dots, N$)における殺処分工程を有向グラフ $G_n=(V_n, A_n)$ で表す．ノードの集合を V_n ，アクティビティの集合を $A_n \in V_n \times V_n$ と表す．アクティビティ $a_{n,k} \in A_n$ の

始点ノードを $\alpha(a_{n,k}) \in V_n$, 終点をノード $\beta(a_{n,k}) \in V_n$ と表す. 殺処分工程の始点ノードを $s_n \in V_n$, 完了ノードを $w_n \in V_n$ と表す. アクティビティ $a_{n,k}$ の作業時間を $D_{n,k}$ と表す. アクティビティの作業時間は確定的である. ネットワーク上の任意の有向パス (s_n, w_n) を, $\alpha(a_{n,l}) = s_n, \beta(a_{n,K}) = w_n, \alpha(a_{n,l}) = \beta(a_{n,l-1})$ が成立するようなアクティビティ列 $(a_{n,1}, \dots, a_{n,l-1}, a_{n,l}, \dots, a_{n,K})$ として表現する. さらに, ノード $v_n \in V_n$ を終点とするアクティビティの集合 $I_n(v_n)$, 始点とするアクティビティの集合 $O_n(v_n)$ を,

$$I_n(v_n) = \{a_{n,k} \in A_n : \beta(a_{n,k}) = v_n\} \quad (5.1)$$

$$O_n(v_n) = \{a_{n,k} \in A_n : \alpha(a_{n,k}) = v_n\} \quad (5.2)$$

と定義する. 時点 τ_n において殺処分工程モデルと危機管理モデルの間で **図-5.2** に示すように, 作業遅延発生の有無や資材不足といった情報が交換されアクティビティ集合が更新される. すなわち, 任意の局所時点 τ_n ($0 \leq \tau_n \leq T_n$) におけるアクティビティ $a_{n,k} \in A_n$ の状態を, 1) 実施中のアクティビティ, 2) 終了したアクティビティ, 3) 遅延アクティビティ, 4) それ以外のアクティビティのいずれかに分類する. 実施中のアクティビティは, 局所期間 $[\tau_n, \tau_n + 1)$ において資源が割り当てられ, 作業が実施中のアクティビティであり, 遅延アクティビティは, 口蹄疫の作業工程上, 実施可能であるが, 資源の割り当てが完了せずに作業開始が遅延しているアクティビティを意味する. それ以外のアクティビティは, 先行作業が終了しないために, 作業を開始できないアクティビティを意味する. 時点 τ_n において実施中のアクティビティ集合, 終了したアクティビティ集合, 遅延アクティビティ集合, それ以外のアクティビティ集合をそれぞれ $W_n(\tau_n)$, $X_n(\tau_n)$, $Y_n(\tau_n)$, $Z_n(\tau_n)$ と表す. 期間 $[\tau_n, \tau_n + 1)$ に終了するアクティビティの集合を $x_n(\tau_n)$ と表す. さらに, 時点 τ_n においてはじめて開始可能, もしくは時点 $\tau_n - 1$ において遅延し, 時点 τ_n まで実行が留保されたアクティビティの集合を $Q_n(\tau_n)$ と表す. アクティビティ $a_{n,k} \in Q_n(\tau_n)$ の中から, 意思決定者が時点 τ_n に開始可能なアクティビティを選択する. アクティビティ $a_{n,k} \in Q_n(\tau_n)$ の中で, 時点 τ_n に開始されるアクティビティの集合を $w_n(\tau_n)$ と表記する. アクティビティ $a_{n,k} \in w_n(\tau_n)$ が存在すれば, 集合 $W_n(\tau_n)$ の要素に追加される. 一方, 遅延が確定したアクティビティは集合 $Y_n(\tau_n)$ に付加される. また, アクティビティ $a_{n,k} \in Q_n(\tau_n)$ は集合 $Z_n(\tau_n)$ から削除される. 最後に, 局所期間 $(\tau_n - 1, \tau_n)$ において終了したアクティビティの集合を $x_n(\tau_n)$ と表す. 集合 $x_n(\tau_n)$ に属するアクティビティは集合 $W_n(\tau_n)$ から削除され, 集合 $X_n(\tau_n)$ に追加される.

いま, 時点 t_n ($\tau_n = 0$) に農場 n において殺処分工程が開始されたと考える. 殺処分

に必要な資源が遅延なく配分された場合、最小時間で殺処分が完了する。遅延なく殺処分工程が完了したような最小時間殺処分工程を $\Gamma_n^* = \{(s_{n,k}^*, f_{n,k}^*) | k = 1, \dots, K\}$ と表す。ただし、 $s_{n,k}^*, f_{n,k}^*$ は、それぞれアクティビティ $a_{n,k} \in A_n$ の最早開始時点、最早終了時点を表している。アクティビティ $a_{n,k} \in A_n$ の最早終了時点 $f_{n,k}^*$ は、

$$f_{n,k}^* = s_{n,k}^* + D_{n,k} \quad (5.3)$$

と表される。殺処分工程における任意のアクティビティ $a_{n,k} \in A_n$ の最早開始時点 $s_{n,k}^*$ は

$$s_{n,k}^* = \max\{f_{n,l}^* | \forall a_{n,l} \in I_n(\alpha(a_{n,k}))\} \quad (5.4)$$

この時、殺処分工程が完了する最早工程終了時点 T_n^* は

$$T_n^* = f_{n,K}^* \quad (5.5)$$

と表される。ただし、 $f_{n,K}^*$ はアクティビティ $a_{n,K}$ が終了する時点である。すべての農場が対称的であると仮定しているため、最早工程終了時点 T_n^* は、すべての農場において同一の値 μ をとる。

5.3.3 遅延によるネットワーク更新

最早工程終了時点 T_n^* は殺処分実施に必要な資源が遅延なく調達できた時に、もっとも早く農場 n の殺処分を完了できる局所時点を表している。しかし、対象地域において殺処分の実施に必要な資源の調達容量に制約が存在する場合、複数農場において殺処分を実施する必要性が発生したとしても、すべての殺処分対象農場に資源を割り当てることができないことが起こり得る。このような資源制約が顕在化した場合には、殺処分の実施に遅延が発生することになる。

このような殺処分資源の獲得可能性を表現するために、農場 n の局所時点 τ_n ($0 \leq \tau_n \leq T_n$) において必要となる資源ベクトルを $\tilde{r}_n(\tau_n) = \{\tilde{r}_{n,1}(\tau_n), \dots, \tilde{r}_{n,K}(\tau_n)\}$ と表記する。ただし、要素 $\tilde{r}_{n,k}(\tau_n)$ は

$$\tilde{r}_{n,k}(\tau_n) = \begin{cases} r_k & a_{n,k} \in Q_n(\tau_n) \cup W_n(\tau_n) \\ 0 & \text{それ以外の場合} \end{cases} \quad (5.6)$$

と定義される。 r_k はアクティビティ k に投入される資源量であり、仮定よりすべての農場で一定である。一方、管理者は各農場における必要資源ベクトルに関する情

報に基づいて、各農場に配分する資源を決定する．したがって、農場レベルの工程ネットワークモデルにおいては、各時点における資源の利用可能性は外生的に与えられる．管理者は地域全体における口蹄疫の伝染・抑止過程を観察しながら、各農場に配分する資源量を逐次決定する．このため、農場 n において殺処分が開始された時点 t_n においては、将来時点において農場に配分される資源量を確定的に把握することはできない．しかし、ここではひとまず局所時点 τ_n ($0 \leq \tau_n \leq T_n$)において配分される資源量が確定的に資源供給ベクトル $\tilde{e}_n(\tau_n) = \{\tilde{e}_{n,1}(\tau_n), \dots, \tilde{e}_{n,K}(\tau_n)\}$ で与えられると仮定する．ただし、要素 $\tilde{e}_{n,k}(\tau_n)$ は

$$\tilde{e}_{n,k}(\tau_n) = \begin{cases} r_k & \text{資源}k\text{が供給される場合} \\ 0 & \text{それ以外の場合} \end{cases} \quad (5.7)$$

と定義される．また、アクティビティ $a_{n,k} \in Q_n(\tau_n)$ の遅延の有無を

$$\tilde{u}_{n,k}(\tau_n) = \begin{cases} 1 & \tilde{r}_{n,k}(\tau_n) = \tilde{e}_{n,k}(\tau_n) \text{ の場合} \\ 0 & \text{それ以外の場合} \end{cases} \quad (5.8)$$

で定義する． $\tilde{u}_{n,k}(\tau_n) = 1$ の場合、直ちに当該のアクティビティを開始することができる．さらに、アクティビティ $a_{n,k}$ を集合 $W_n(\tau_n)$ の要素に加える．時点 τ_n において、ただちに作業を開始できるアクティビティ集合 $w_n(\tau_n) = \{a_{n,k} | \tilde{u}_{n,k}(\tau_n) = 1, a_{n,k} \in A_n\}$ を定義する．一方、 $\tilde{u}_{n,k}(\tau_n) = 0$ の場合、当該アクティビティ $a_{n,k}$ を開始することが不可能となる．時点 τ_n において、遅延が発生したアクティビティ集合 $Y_n(\tau_n) = \{a_{n,k} | \tilde{u}_{n,k}(t) = 0, a_{n,k} \in Q_n(\tau_n)\}$ を定義する．以上の情報に基づいて、当該時点 τ_n 以降の殺処分工程ネットワークを更新する．更新された工程ネットワークを $\Gamma_n(\tau_n)$ と表す．

いま、時点 $\tau_n = 0$ に殺処分工程が開始し、時点 $\tau_n (\neq 0)$ まで進行した局面を考える．時点 τ_n までに終了したアクティビティ $a_{n,k} \in W_n(\tau_n)$ に関しては

$$s_{n,k}(\tau_n) = s_{n,k}(\tau_n - 1) \quad f_{n,k}(\tau_n) = f_{n,k}(\tau_n - 1) \quad (5.9)$$

と表される．ただし、最早開始時点 $s_{n,k}(\tau_n)$ 、最早終了時点 $f_{n,k}(\tau_n)$ は時点 τ_n で更新された殺処分工程グラフ $\Gamma_n(\tau_n)$ で定義されていることを明示的に示している．つぎに、時点 τ_n において、資源が割り当てられ実施されているアクティビティ $a_{n,k} \in X_n(\tau_n)$ に対しては式(5.9)が成立する．一方、資源が割り当てられず開始に遅延が発生したアクティビティ $a_{n,k} \in Y_n(\tau_n)$ に対しては

$$s_{n,k}(\tau_n) = s_{n,k}(\tau_n - 1) + 1 \quad (5.10)$$

$$f_{n,k}(\tau_n) = f_{n,k}(\tau_n - 1) + 1 \quad (5.11)$$

と更新される．それ以外のアクティビティ $a_{n,k} \in Z_n(\tau_n)$ の最早開始時点，最早終了時点に関しては，PERT 計算により時点 τ_n 以降のスケジュール計算を行い

$$s_{n,k}(\tau_n) = \max_l \{f_{n,l}(\tau_n) | \forall a_{n,l} \in I_n(\alpha(a_{n,k}))\} \quad (5.12)$$

$$f_{n,k}(\tau_n) = s_{n,k}(\tau_n) + D_{n,k} \quad (5.13)$$

を定義する．以上の手続きを経て，殺処分工程の終了時点 $f_{n,K}(\tau_n)$ を更新する．殺処分工程の終了時点 $f_{n,K}(\tau_n)$ は殺処分工程ネットワーク $\Gamma_n(\tau_n)$ 上で定義された終了時点である．殺処分工程グラフが更新されれば，終了時点も更新されることになる．

5.4 口蹄疫伝染モデル

5.4.1 モデルの概要

ある閉鎖的地域における口蹄疫の空間的伝染過程をマルコフ連鎖モデルを用いて表現する．対象とする地域に N 箇所の農場が立地している．時点 y_0 において，単一もしくは複数農場に最初の口蹄疫の感染事例が発生した場合を想定する．口蹄疫の潜伏期間は l であり，感染から l 期後に発症する．潜伏期間 l は確定値であり与件とする．図-5.1 に示したように，カレンダー時刻 t_0 を始点とする離散時間軸 $y = 0, 1, \dots$ を考える．最初の発症事例が観察されて，発症が終息するまでの期間を，1) 初期対応準備期間と，2) 計画的対応期間という2つの期間に分類する．最初の発症が発見されたのち，時点 $y = v$ に初動体制が整う． $y = v$ において最初の殺処分が実施され，対象地域全体において，口蹄疫が終息するまで家畜の移動が全面的に禁止される．離散時間軸上の期間 $[0, v)$ を初期対応準備期間と呼ぶ．初期対応準備期間に口蹄疫の伝染抑止計画が策定される．つぎに，時点 $y = v$ から，口蹄疫の空間的伝染を抑止するための対応が実施される．期間 $[v, v + T]$ を計画的対応期間と呼ぶ． T は計画的対応期間長であり，当該期間内に口蹄疫リスクが終息する．終息時点は口蹄疫伝染過程と対応して内生的に決定されるが，ここでは計画期間長 T を十分大きい整数で与える．記述の便宜を図るため，離散時刻 $y = v$ を $t = 0$ ，終息時点 $y = v + T$ を $t = T$ とする局所的離散軸 $t = 0, \dots, T$ を新たに導入する．計画的対応期間では，口蹄疫を発症，または感染の見込みが高い家畜に対して殺処分を行う．なお，殺処分工程に遅延が発生する場合，地域内での人員・資材の配分過程が経路依存的になり，口蹄疫の伝染・抑止過程を単純なマルコフ連鎖モデルで表現することが不可能となる．議

論の見通しをよくするため、5.4.2, 5.4.3において殺処分工程に遅延が発生しない場合を想定し、口蹄疫の伝染・抑止過程をマルコフ連鎖モデルを用いて記述する。5.5において、殺処分工程に遅延が発生する場合をとりあげる。

5.4.2 初期対応準備期間

いま、初期時刻 y_0 から初動体制が完了するまでの初期対応準備期間 $[y_0, y_0 + v)$ に着目する。最初に発症が確認された農場を初期感染農場と呼ぶ。農場において飼育している家畜の種類が異なる。家畜によって潜伏期間が異なるため、農場 n の潜伏期間を ι_n と表記する。初期感染農場は、時刻 $y_0 - \iota_n + 1$ から時刻 y_0 にかけて口蹄疫の空気感染を進行させる。そのため、 y_0 において口蹄疫に感染している農場は、初期感染農場以外にも存在しうる。さらに、初期対応準備期間では、口蹄疫を発症した家畜の殺処分は実施されない。そのため、初期対応準備期間 $[y_0, y_0 + v)$ では、口蹄疫の伝染は進行し、時間が経過するにつれて口蹄疫の発症が確認される。口蹄疫の感染状態 $s_n(y)$ を

$$s_n(y) = \begin{cases} 0 & \text{未感染な状態} \\ 1 & \text{当該期に感染した場合} \\ 2 & \text{1期前に感染した状態} \\ \vdots & \vdots \\ \iota_n & \iota_n - 1 \text{期に感染した状態} \\ \iota_n + 1 & \text{口蹄疫が発症した状態} \end{cases} \quad (5.14)$$

と表す。時点 y における地域全体における口蹄疫の感染状態を表す状態変数（以下、感染システム状態変数と呼ぶ）を各農場の感染状態の変数 $s_n(y)$ の組 $\mathbf{S}(y) = \{s_1(y), \dots, s_N(y)\}$ を用いて定義する。感染システム状態変数に関して、 $s_n(y) = 0, \dots, \iota_n + 1$ という $\iota_n + 2$ 種類の状態を取りえる。感染システム状態変数 $\mathbf{S}(y) = \mathbf{S}_h = (s_1^h, \dots, s_N^h)$ ($h = 1, \dots, K$) は、 $K = \prod_{n=1}^N (\iota_n + 2)$ 組の感染状態ベクトル $\mathbf{S}_h = (0, 0, \dots, 0), (1, 0, \dots, 0), \dots, (0, 1, 0, \dots, 0), \dots, (\iota_n + 1, \iota_n + 1, \dots, \iota_n + 1)$ を用いて表現できる。 K 個の感染システム状態の集合を \mathcal{S} と表記する。

時点 y ($y = -\iota_n, \dots, v$) において、感染システム状態 \mathbf{S}_h である時に、未感染状態であった農場に、時点 $y + 1$ において口蹄疫に感染する確率 $\rho_n(\mathbf{S}_h)$ (以下、伝染モデルと呼

ぶ) を Keelng モデル³⁴⁾を用いて

$$\rho_n(\mathbf{S}_h) = 1 - \exp \left\{ - \left(\sum_{r=1}^R \zeta^r z_n^r \right) \sum_{j \in J(\mathbf{S}_h)} \kappa(d_{nj}) \right\} \\ (n = 1, \dots, N) \quad (5.15)$$

と表現する．ただし， $J(\mathbf{S}_h)$ は感染システム状態 $S(y) = \mathbf{S}_h$ において口蹄疫に感染した農場の集合であり， $J(\mathbf{S}_h) = \{n | s_n^h = 1, \dots, \iota_n + 1; n = 1, \dots, N\}$ と定義できる． ζ^r はタイプ r ($r = 1, \dots, R$) の家畜の感染の感受性 (susceptibility) パラメータであり， z_n^r は農場 n のタイプ r の家畜飼育頭数を表す．該当する家畜が飼育されていない場合は $z_n^r = 0$ である．農場 j から n への感染カーネル (infection kernel)

$$\kappa(d_{nj}) = d_{nj}^{-\gamma} \quad (5.16)$$

は，農家 n と j の距離 d_{nj} の関数であり， $\gamma (> 0)$ は距離抵抗パラメータである．感染システム状態 \mathbf{S}_h の下で未感染状態にあった農場 n が，つぎの時点においても未感染状態のままとどまる確率を $q_n(\mathbf{S}_h)$ とすると

$$q_n(\mathbf{S}_h) = 1 - \rho_n(\mathbf{S}_h) \\ = \prod_{j \in J(\mathbf{S}_h)} \exp \left\{ - \left(\sum_{r=1}^R \zeta^r z_n^r \right) \kappa(d_{nj}) \right\} \quad (5.17)$$

が成立する．このとき，推移確率 $\pi_{s_n^h s_n^g}(\mathbf{S}_h)$ は

$$\pi_{s_n^h s_n^g}(\mathbf{S}_h) = \begin{cases} q_n(\mathbf{S}_h) & s_n^h = 0, s_n^g = 0 \text{ の時} \\ \rho_n(\mathbf{S}_h) & s_n^h = 0, s_n^g = 1 \text{ の時} \\ 1 & s_n^h = k, s_n^g = k + 1 \\ & \text{の時 } (k = 1, \dots, \iota_n) \\ 1 & s_n^h = \iota_n + 1, s_n^g = \iota_n + 1 \\ 0 & \text{それ以外} \end{cases} \quad (5.18)$$

と表される．ここで， $\pi_{s_n^h s_n^g}(\mathbf{S}_h) = \text{Prob}\{s_n(t+1) = s_n^g | \mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h\}$ は，時点 t において地域全体の感染システム状態が $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h$ の場合に，農場 n のミクロ状態 $s_n(t) = s_n^h$ ($s_n^h = 0, \dots, \iota_n + 1$) が時点 $t+1$ に状態 $s_n(t+1) = s_n^g$ ($s_n^g \geq s_n^h$) に推移する確率である．この時，感染システム状態 $\mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h$ から状態 $\mathbf{S}(t+1) = \mathbf{S}_g$ への推移確率 Π_{hg} は

$$\Pi_{hg} = \text{Prob}\{\mathbf{S}(t+1) = \mathbf{S}_g | \mathbf{S}(t) = \mathbf{S}_h\} \\ = \prod_{n=1}^N \pi_{s_n^h s_n^g}(\mathbf{S}_h) \quad (5.19)$$

と定義できる．このとき， y 期の感染システム状態変数ベクトル $\mathbf{S}(y)$ から $y+1$ 期（次期）の感染システム状態変数ベクトル $\mathbf{S}(y+1)$ への推移確率を表すマルコフ推移確率行列 $\mathbf{\Pi}$ は

$$\mathbf{\Pi} = \begin{pmatrix} \Pi_{11} & \cdots & \Pi_{1g} & \cdots & \Pi_{1K} \\ \vdots & \ddots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \Pi_{h1} & \cdots & \Pi_{hg} & \cdots & \Pi_{hK} \\ \vdots & \ddots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \Pi_{K1} & \cdots & \Pi_{Kg} & \cdots & \Pi_{1K} \end{pmatrix} \quad (5.20)$$

と表される．感染システム状態変数 $\mathbf{S}(y) = \mathbf{S}_h$ の生起確率を $P_h(y)$ ($h = 1, \dots, K$)と表し，感染システム状態の生起確率ベクトル $\mathbf{P}(y) = \{P_1(y), \dots, P_K(y)\}$ と表記する．このとき，地域全体における口蹄疫の空間的伝染過程をマルコフ過程

$$\mathbf{P}(y+1) = \mathbf{P}(y)\mathbf{\Pi} \quad (5.21)$$

と表すことができる．時点 $y = v$ において初期対応準備期間が終了し，計画的対応期間が開始する．初期対応準備期間の終了時点における感染システム状態の生起確率は $\mathbf{P}(v) = \{P_1(v), \dots, P_K(v)\}$ と表される．ただし， $\sum_{k=1}^K P_k(v) = 1$ が成立する．

5.4.3 計画的対応期間

時点 $y = v$ ($t = 0$)において，口蹄疫の殺処分体制が整う．計画的対応期間 t ($t = 0, \dots, T$)においては，各期の期首にある農場において口蹄疫の発症状態が確認されると，当該農場で飼育されているすべての家畜の殺処分が開始される．それと同時に，口蹄疫の発症が確認された近傍の農場においても，口蹄疫の空間的伝染を抑止するために，口蹄疫の発症が確認されていなくても家畜の予防的殺処分が開始される．地域管理主体は，殺処分に必要となる人材，資材を殺処分のために各農場に派遣する．調達に制約がない場合，殺処分は最短日数 μ で終了する．ここでは，議論の簡単化のために，地域における殺処分能力に上限が存在しない(地域キャパシティに制限が存在しない)場合を想定する．地域キャパシティに上限が存在する場合の議論は，次節でとりあげる．口蹄疫の感染農場において殺処分が終了するまでは，殺処分対象の家畜に口蹄疫の伝染能力が存在すると考える．すなわち，殺処分が終了

するまでの期間は，マルコフ推移確率行列 $\mathbf{\Pi}$ に従って感染状態が推移していくと考える．

計画的対応期間における農場 n ($n = 1, \dots, N$) における口蹄疫の感染状態 $\tilde{s}_n(t)$ を

$$\tilde{s}_n(t) = \begin{cases} 0 & \text{未感染な状態} \\ 1 & \text{当該期に感染した状態} \\ 2 & \text{1期前に感染した状態} \\ \vdots & \vdots \\ \iota_n & \iota - 1 \text{期に感染した状態} \\ \iota_n + 1 & \text{口蹄疫が発症した状態} \\ \iota_n + 2 & \text{殺処分が終了した状態} \end{cases} \quad (5.22)$$

と表す．時点 t の地域全体における口蹄疫の感染状態を表す感染システム状態変数を各農家の感染状態の変数 $\tilde{s}_n(t)$ の組 $\tilde{\mathbf{S}}(t) = \{\tilde{s}_1(t), \dots, \tilde{s}_N(t)\}$ を用いて定義する．感染状態変数 $\tilde{s}_n(t)$ ($n = 1, \dots, N$) に関して， $\tilde{s}_n(t) = 0, \dots, \iota_n + 2$ という $\iota_n + 3$ 種類の状態を取りえる．感染システム状態変数 $\tilde{\mathbf{S}}(t) = \tilde{\mathbf{S}}_h = (\tilde{s}_1^h, \dots, \tilde{s}_N^h)$ ($h = 1, \dots, \tilde{K}$) は， $\tilde{K} = \prod_{n=1}^N (\iota_n + 3)$ 組の感染状態ベクトルを用いて表現できる．

いま，ある時点 t において，感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_h$ が観測された場合を考える．感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_h$ に基づいて2種類の農場集合

$$U_t(\tilde{\mathbf{S}}_h) = \{n | \tilde{s}_n^h = 0, \dots, \iota_n + 1\} \quad (5.23)$$

$$H_t(\tilde{\mathbf{S}}_h) = \{n | \tilde{s}_n^h = \iota_n + 2\} \quad (5.24)$$

を再定義する．ここで，時点 t までの殺処分決定実績を表すダミー変数ベクトル $\boldsymbol{\eta}_t = \{\boldsymbol{\eta}(0), \dots, \boldsymbol{\eta}(t)\}$ を定義する．ただし， $\boldsymbol{\eta}(t) = \{\eta_1(t), \dots, \eta_N(t)\}$ である．ダミー変数 $\eta_n(t)$ を

$$\eta_n(t) = \begin{cases} 1 & \text{時点 } t \text{ に殺処分が決定される} \\ 0 & \text{それ以外} \end{cases} \quad (5.25)$$

と定義する．すなわち，殺処分工程が遅延なく実施されても工期 μ を必要とすることを考慮し，期間 $[t - 1, t)$ において殺処分が完了する農場集合を $F(t)$ を

$$F(t) = \{n | \eta_n(t - \mu) = 1, n = 1, \dots, N\} \quad (5.26)$$

と定義する．ここで，時点 t において農場 n において殺処分工程が完了するかどうかを表すダミー変数 $\delta_n(t)$ ($n = 1, \dots, N$)を

$$\delta_n(t) = \begin{cases} 1 & n \in F(t) \\ 0 & n \notin F(t) \end{cases} \quad (5.27)$$

と定義する．なお，すでに殺処分を実施した農場 $n \in H_t(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ に関しては $\delta_n(t) = 0$ が成立する．ミクロ状態 $\tilde{s}_n(t) = \tilde{s}_n^h, \tilde{s}_n(t) = \tilde{s}_n^g$ ($n = 1, \dots, N$)間の推移確率 $\tilde{\pi}_{\tilde{s}_n^h \tilde{s}_n^g}(\tilde{\mathbf{S}}(t) = \tilde{\mathbf{S}}_h)$ は

$$\tilde{\pi}_{\tilde{s}_n^h \tilde{s}_n^g}(\tilde{\mathbf{S}}(t) = \tilde{\mathbf{S}}_h) = \begin{cases} \tilde{q}_n(\tilde{\mathbf{S}}_h) & \tilde{s}_n^h = 0, \tilde{s}_n^g = 0, \delta_n(t) = 0 \\ \tilde{\rho}_n(\tilde{\mathbf{S}}_h) & \tilde{s}_n^h = 0, \tilde{s}_n^g = 1, \delta_n(t) = 0 \\ 1 & \tilde{s}_n^h = k, \tilde{s}_n^g = k + 1, \delta_n(t) = 0 \\ & (k = 1, \dots, \iota_n) \\ 1 & \tilde{s}_n^h = 0, \dots, \iota_n + 1, \tilde{s}_n^g = \iota_n + 2, \\ & \delta_n(t) = 1 \\ 1 & \tilde{s}_n^h = \iota_n + 2, \tilde{s}_n^g = \iota_n + 2 \\ 0 & \text{それ以外の時} \end{cases} \quad (5.28)$$

と定義される．ただし， $\tilde{\rho}_n(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ は

$$\tilde{\rho}_n(\tilde{\mathbf{S}}_h) = 1 - \exp \left\{ - \left(\sum_{r=1}^R \zeta^r z_n^r \right) \sum_{j \in \tilde{J}(\tilde{\mathbf{S}}_h)} \kappa(d_{nj}) \right\} \quad (5.29)$$

であり， $\tilde{J}(\tilde{\mathbf{S}}_h)$ は感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}(t) = \tilde{\mathbf{S}}_h$ において口蹄疫に感染した農場の集合であり， $\tilde{J}(\tilde{\mathbf{S}}_h) = \{n | \tilde{s}_n^h = 1, \dots, \iota_n + 1; n = 1, \dots, N\}$ と定義できる．また，

$$\tilde{q}_n(\tilde{\mathbf{S}}_h) = 1 - \tilde{\rho}_n(\tilde{\mathbf{S}}_h) \quad (5.30)$$

が成立する．推移確率(5.28)を用いて，計画的対応期間中の感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}(t) = \tilde{\mathbf{S}}_h$ から状態 $\tilde{\mathbf{S}}(t+1) = \tilde{\mathbf{S}}_g$ への推移確率 $\tilde{\Pi}_{hg}$ は

$$\tilde{\Pi}_{hg} = \prod_{n=1}^N \tilde{\pi}_{\tilde{s}_n^h \tilde{s}_n^g}(\tilde{\mathbf{S}}_h) \quad (5.31)$$

と表現できる．さらに， $\tilde{\Pi}_{hg}$ を (h, g) 要素とする推移確率行列を $\tilde{\Pi} = \{\tilde{\Pi}_{hg}\}$ と表す．状態変数ベクトル $\tilde{\mathbf{S}}(t)$ から $\tilde{\mathbf{S}}(t+1)$ の間の推移確率を表すマルコフ推移確率行列を

$$\tilde{\Pi} = \begin{pmatrix} \tilde{\Pi}_{11} & \cdots & \tilde{\Pi}_{1\tilde{K}} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \tilde{\Pi}_{\tilde{K}1} & \cdots & \tilde{\Pi}_{\tilde{K}\tilde{K}} \end{pmatrix} \quad (5.32)$$

と定義する．さらに，感染システム状態変数 $\tilde{\mathbf{S}}(t) = \tilde{\mathbf{S}}_h$ の生起確率を $\tilde{P}_h(t)$ ($h = 1, \dots, \tilde{K}$) と表し，感染システム状態の生起確率ベクトル $\tilde{\mathbf{P}}(t) = \{\tilde{P}_1(t), \dots, \tilde{P}_{\tilde{K}}(t)\}'$ と表記する．この時，地域全体における口蹄疫の空間的伝染過程をマルコフ過程

$$\tilde{\mathbf{P}}(t+1) = \tilde{\Pi} \tilde{\mathbf{P}}(t) \quad (5.33)$$

と表すことができる．ただし，計画的対応開始時点 $t = 0$ における感染システム状態の生起確率ベクトル $\tilde{\mathbf{P}}(0) = \{\tilde{P}_1(0), \dots, \tilde{P}_{\tilde{K}}(0)\}$ は，初期対応の準備完了時点の感染システム状態生起ベクトル $\mathbf{P}(t) = \{P_1(t), \dots, P_{h'}(t), \dots, P_K(t)\}$ を用いて

$$\tilde{P}_h(0) = \begin{cases} P_{h'}(v) & \tilde{\mathbf{S}}_h = \mathbf{S}_{h'} \text{ の時} \\ 0 & \text{それ以外の時} \end{cases} \quad (5.34)$$

と定義される．

5.5 最適資源配分モデル

5.5.1 遅延を考慮した伝染・抑止過程

口蹄疫伝染モデル(5.33)は，殺処分工程に遅延が発生しない場合を想定している．殺処分工程に遅延が発生する場合，農場間における人員・資材の配置・転用過程が経路依存的になるため，口蹄疫の空間的伝染・抑止感染過程を単純なマルコフ連鎖モデルを用いて表現できない．さらに，初期対応期間，計画的対応期間を通じて感染システム状態変数の数が膨大になるため，感染システム状態の時間変化パターンをマルコフ連鎖モデルを用いて明示的に記述することは不可能である．本章では，準モンテカルロ法^{42)–44)}を用いて，時間的に展開する感染システム状態の推移パターンを表すサンプルパスを発生させる．各サンプルパス上では，感染システム状態は確定値であり，人員・資材の配置戦略 $\xi \in \Xi$ を与件とすれば，計画的対応期間において殺処分が実施される農場が確定的に求まる．ただし， Ξ は配置戦略集合である．いま，初期時点 $y = 0$ において口蹄疫を発症する農場を初期条件として与える．初期時点において，どの農場に口蹄疫が発生するかという事象は確率的事象であり，初期条件の与え方には任意性が残る．本章では，都道府県レベルにおける口蹄疫伝染抑止計画を策定する上で，対象地域において最悪のシナリオを想定する方法を採用する．このため，対象地域における農場の重心にもっとも近い農場

を初期発生農場として設定する．現実には，口蹄疫の発生を確認した段階では，その農場を初期農場として設定し，以下で述べるシミュレーションの方法を適用することにより口蹄疫伝染リスクを評価することも可能である．

初期対応期間中は，家畜の殺処分を実施せず，状態推移確率(5.18)に基づいて伝染が進行する．したがって，初期状態の感染システム状態 $\mathbf{S}(0) = \mathbf{S}_0$ が与えられれば， $y=1$ 以降の感染システム状態はマルコフ連鎖(5.21)によって推移する．いま，人員・資材配置戦略 $\xi \in \Xi$ に対してサンプルパスを合計 M 本発生させる場合を考える．サンプルパス m ($m = 1, \dots, M$) のそれぞれに対して，準モンテカルロ法により計画的対応期間の開始時点 $y = \tau$, $t = 0$ における感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}_h$ を求める．計画的対応期間においては，人員・資材配置戦略が感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}(t)$ に依存して決定される．人員・資材配置戦略 $\xi \in \Xi$ を与件とすれば，サンプルパス m ($m = 1, \dots, M$) のそれぞれに対して，計画的対応期間の感染システム状態の時間的推移パターン $\tilde{\mathbf{S}}^{\xi(m)} = \{\tilde{\mathbf{S}}^{\xi(m)}(0), \dots, \tilde{\mathbf{S}}^{\xi(m)}(T)\}$ が確定する．ただし， $\tilde{\mathbf{S}}^{\xi(m)}(t) = \{\tilde{s}_1^{\xi(m)}(t), \dots, \tilde{s}_N^{\xi(m)}(t)\}$ は人員・資材配分戦略 ξ の下で実現したサンプルパス m ($m = 1, \dots, M$) において時点 t に観察される感染システム状態である．感染システム状態 $\tilde{\mathbf{S}}^{\xi(m)}(t) = \tilde{\mathbf{S}}_h^{\xi(m)}$ に基づいて2種類の農場集合

$$U_t(\tilde{\mathbf{S}}_h^{\xi(m)}) = \{n | \tilde{s}_n^{h, \xi(m)} = 0, \dots, \iota_n + 1\} \quad (5.35)$$

$$H_t(\tilde{\mathbf{S}}_h^{\xi(m)}) = \{n | \tilde{s}_n^{h, \xi(m)} = \iota_n + 2\} \quad (5.36)$$

を定義する．ここで，殺処分の決定時点を表すダミー変数ベクトル $\boldsymbol{\eta}^{\xi(m)}(t) = \{\eta_1^{\xi(m)}(t), \dots, \eta_N^{\xi(m)}(t)\}$ である．ダミー変数 $\eta_n^{\xi(m)}(t)$ は農場 n に対して

$$\eta_n^{\xi(m)}(t) = \begin{cases} 1 & \text{時点 } t \text{ に殺処分が決定される} \\ 0 & \text{それ以外} \end{cases} \quad (5.37)$$

と定義する．さらに，時点 t において農場 n の殺処分工程が開始されており，かつ資源 k ($k = 1, \dots, K$) が投入されているかどうかを示すダミー変数 $\gamma_{n,k}^{\xi(m)}(t)$ を

$$\gamma_{n,k}^{\xi(m)}(t) = \begin{cases} 1 & a_{n,k} \in W_n(t - t_n) \text{ の時} \\ 0 & \text{それ以外} \end{cases} \quad (5.38)$$

と表す．ただし， $W_n(t - t_n)$ は時点 $\tau_n = t - t_n$ において農場 n で実施されているアクティビティの集合であり，危機管理モデルで決定される．いま，タイプ r ($r = 1, \dots, R$) の家畜が殺処分されることにより1頭当たり v^r の損失が発生する．タイプ r の家畜の損

失および殺処分に必要な費用は，殺処分を決定した時点で発生すると考える．農場 n に飼育されているタイプ r ($r = 1, \dots, R$) の家畜数を z_n^r と表す．また，アクティビティ $a_{n,k}$ を実施するために必要なタイプ r の家畜1頭当たりの費用を $c_{n,k}^r$ と表せば，サンプルパス m 上で発生する被害 $C^{\xi(m)}(\mathbf{S}_0)$ は

$$C^{\xi(m)}(\mathbf{S}_0) = \sum_{t=0}^T \sum_{n=1}^N \sum_{r=1}^R \left(\frac{1}{1+\lambda} \right)^{t+v} \left\{ \eta_n^{\xi(m)}(t) v^r z_n^r + \sum_{k=1}^K \gamma_{n,k}^{\xi(m)}(t) c_{n,k}^r z_n^r \right\} \quad (5.39)$$

と定式化できる．準モンテカルロ法^{42)–44)}を用いて初期時点 $t=0$ の感染システム状態 \mathbf{S}_0 を起点とする M 本のサンプルパスを発生させることにより人員・資材配分戦略 $\xi \in \Xi$ の下で実現する費用の期待値 $\tilde{V}^{\xi}(\mathbf{S}_0)$ を

$$\tilde{V}^{\xi}(\mathbf{S}_0) = \frac{1}{M} \sum_{m=1}^M C^{\xi(m)}(\mathbf{S}_0) \quad (5.40)$$

と近似できる．

5.5.2 モデルの定式化

図-5.2に示したマルコフネットワークモデルの最上位に位置する危機管理モデルは，口蹄疫の空間的伝染により発生する期待被害額を最小にするような人員・資材配分戦略 $\xi^* \in \Xi$ を求めるモデルである．殺処分工程に投入する人員・資材の調達量に制約が存在する場合，人員・資材を殺処分対象農場に配置するための優先順位を設けざるを得ない．その際，殺処分工程を構成する各アクティビティごとに異なる人員・資材が投入され，アクティビティ間に人員・資材の流用は行われないと考える．殺処分工程が K 個のアクティビティで構成されており，合計 K 種類の資源がそれぞれのアクティビティ実施のために投入される．サンプルパス m において，アクティビティ $a_{n,k}$ を遂行するために資源 k が $e_{n,k}^{\xi(m)}$ 単位が投入される．このとき，タイプ k の資源制約を

$$\sum_{n=1}^N e_{n,k}^{\xi(m)}(t) \leq B_k \quad (5.41)$$

$(t = 1, \dots, T; m = 1, \dots, M; k = 1, \dots, K)$

と定式化できる．ただし， B_k は地域内におけるタイプ k の資源の調達可能量である．式(5.41)は，任意の k とサンプルパス m ($m = 1, \dots, M$) のそれぞれに対して成立しなければならない．人員・資材の配置戦略 $\xi^* \in \Xi$ は，式(5.41)を満足するように，これらの

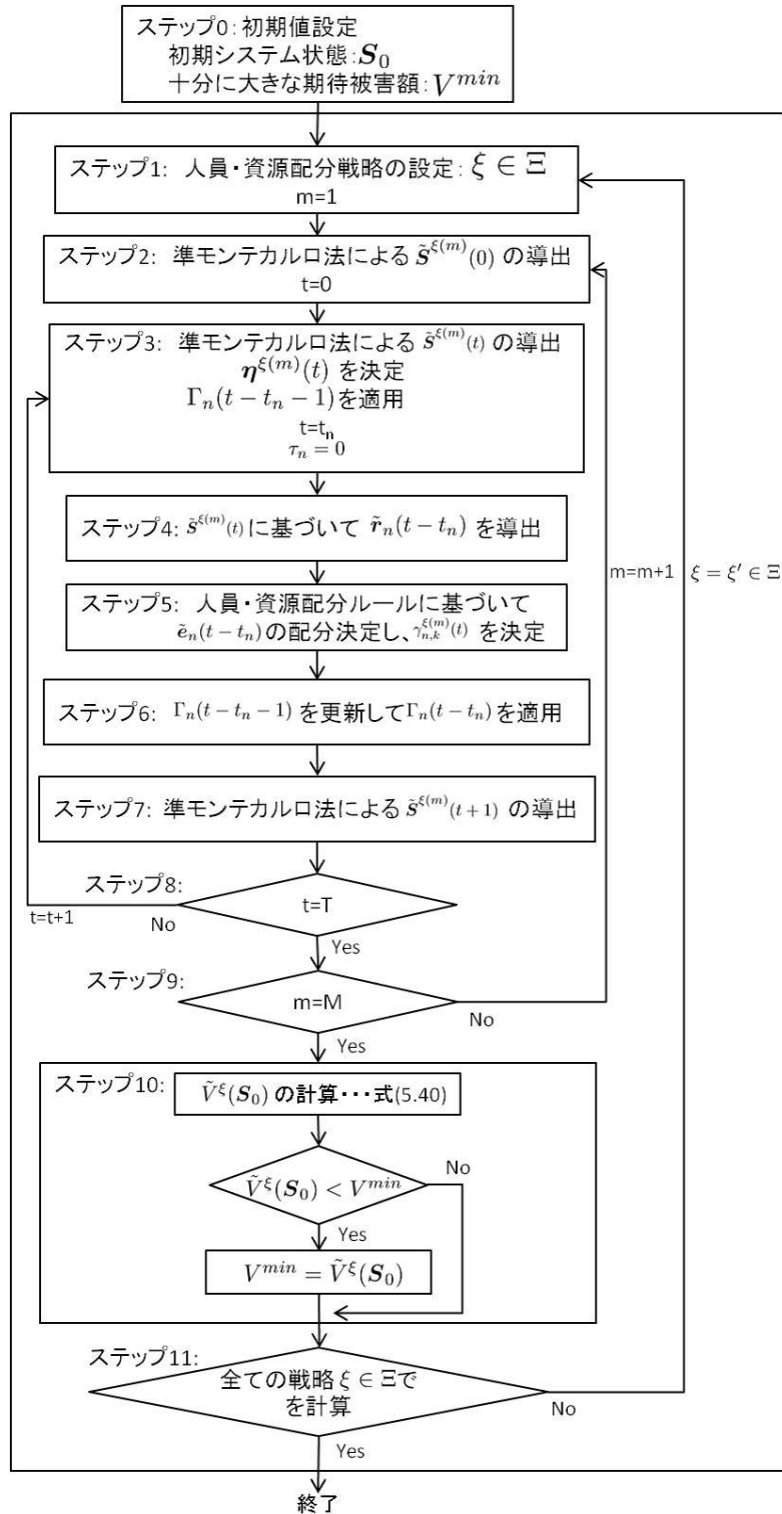


図-5.3 最適戦略を求める手順

資源を必要とする農場に配置するための優先ルールで構成される．一度，アクティビティ $a_{n,k}$ を開始すれば，当該のアクティビティを完了するまで，人員・資材の優先的に配分されると考える．したがって，人員・資材配分ルールは，時点 t において開始可能なアクティビティ集合 $Q_n(t-t_n)$ ($n=1, \dots, N$)の中から当該時点において開始すべきアクティビティを選択するルールである．

期待被害額が式(5.40)で表されることに留意すれば，期待被害額を最小にするような最適人員・資材配置戦略を求めるモデル(最適資源配分モデル)は

$$\min_{\xi \in \Xi} \{ \tilde{V}^{\xi}(S_0) \} \quad (5.42)$$

subject to

$$\sum_{n=1}^N e_{n,k}^{\xi(m)}(t) \leq B_k \quad (5.43)$$

$$(t = 1, \dots, T; m = 1, \dots, M; k = 1, \dots, K)$$

と定式化される．

5.5.3 解法

最適資源配分モデル(5.42),(5.43)の制約条件は，サンプルパスのそれぞれに対して各時点ごとに成立しなければならない．このため，制約条件をすべて列挙することは不可能である．資源配分戦略を与件として，制約条件(5.43)を満足するようなサンプルパスを作成するとともに，それに基づいて目的関数値(5.42)を算定する．さらに，目的関数値を算定することにより，もっとも目的関数値が小さくなるような資源配分戦略を求めることとする．以上の考え方に基づいて人員・資材配分戦略 $\xi \in \Xi$ を適用した場合の期待被害額を求める手順を図-5.3に示している．

- **ステップ0** 初期状態 S_0 を設定し，十分大きな期待被害額を V^{min} とする．
- **ステップ1** 人員・資材配分戦略 $\xi \in \Xi$ を設定する．サンプルパスの番号を $m=1$ とする．
- **ステップ2** 準モンテカルロ法を用いて計画的対応期間における開始時点 $t=0$ における感染システム状態 $\tilde{S}^{\xi(m)}(0)$ を求める．
- **ステップ3** 準モンテカルロ法を用いて時点 t における感染システム状態 $\tilde{S}^{\xi(m)}(t)$ を求める．感染システム状態に基づいて，時点 t で新たに殺処分の対象となる

農場集合を決定し，ダミー変数 $\eta^{\xi(m)}(t)$ を決定する．あらたに殺処分の対象となった農場の殺処分決定時点を t_n と表し，殺処分工程ネットワーク $\Gamma_n(t-t_n)$ を適用する．局所座標系 $\tau_n = 0, 1, \dots$ を定義し $\tau_n = 0$ に設定する．

- **ステップ4** 感染システム状態 $\tilde{S}^{\xi(m)}(t)$ の結果を用いて，各農場ごとに必要となる資源量 $\tilde{r}_n(t)$ を危機管理モデルに伝達する．
- **ステップ5** 危機管理モデルから各農場への資源配分量 $\tilde{e}_{n,k}^{\xi(m)}(t)$ を決定する．各農場ごとに集合 $W_n(t-t_n)$, $X_n(t-t_n)$, $Y_n(t-t_n)$, $Z_n(t-t_n)$ を更新する．
- **ステップ6** 殺処分が実行されている農場の殺処分工程ネットワークにおいて PERT 計算を実施し，殺処分工程ネットワーク $\Gamma_n(t-t_n+1)$ を作成する．
- **ステップ7** マルコフ推移確率 $\tilde{\Pi}$ を用いて，準モンテカルロ法により感染システム状態 $\tilde{S}^{\xi(m)}(t+1)$ を求める．
- **ステップ8** $t=T$ の場合，**ステップ9** へ進む．そうでなければ， $t=t+1$ として，**ステップ3** へ戻る．
- **ステップ9** $m=M$ の場合，**ステップ10** へ進む．そうでなければ， $m=m+1$ として，**ステップ1** へ戻る．
- **ステップ10** 人員・資材配分戦略 $\xi \in \Xi$ の下で期待被害額 V^ξ を求める． $\tilde{V}^\xi(S_0) < V^{min}$ の場合， $V^{min} = \tilde{V}^\xi(S_0)$ として**ステップ11** へ進む．そうでなければ，そのまま**ステップ11** へ進む．
- **ステップ11** すべての人員・資材配分戦略 $\xi \in \Xi$ の下で期待被害額 $\tilde{V}^\xi(S_0)$ を求めた場合，アルゴリズムは終了する．そうでない場合，新しい人員・資材配分戦略 $\xi' \in \Xi$ を求め，**ステップ1** に戻る．

5.6 危機管理モデル

5.6.1 危機管理ルール

口蹄疫の伝染が拡大化した場合，地方自治体の対応能力に限界が発生する．対応能力の限界のため殺処分工程に遅延が発生すれば，その結果として口蹄疫の感染

地域が拡大するリスクが大きくなる．地域キャパシティに限界が生じる場合，国の機関等に救援を要請する必要がある．国の機関が危機管理体制を構築するためには準備期間が必要となる．したがって，口蹄疫の発症事例が確認され，近い将来時点において地域キャパシティに限界が生じる可能性が見込まれる場合には，早期に救援措置を依頼することが望ましい．

いま，時点 $t=0$ から一定程度の時間が経過した時点 \bar{t} に着目する．初期時点から当該時点までの感染システム状態の観測値ベクトルを $\bar{\mathbf{S}}^{\xi, \bar{t}} = \{\bar{\mathbf{S}}^{\xi}(0), \dots, \bar{\mathbf{S}}^{\xi}(\bar{t})\}$ と表す．記号「 $\bar{}$ 」は観測値であることを意味する．時点 \bar{t} の農場における作業実績を表す集合 $\bar{W}_n(\bar{t}-\bar{\tau}_n), \bar{X}_n(\bar{t}-\bar{\tau}_n), \bar{Y}_n(\bar{t}-\bar{\tau}_n), \bar{Z}_n(\bar{t}-\bar{\tau}_n)$ も観測されている．時点 \bar{t} 以前には地域キャパシティ制約は発生していないと仮定する．ここで，時点 \bar{t} を起点として，**図-5.3**に示した方法で，口蹄疫の伝染・抑止過程のサンプルパスを発生させ，将来時点 $t=\bar{t}+1, \dots$ において地域キャパシティ制約が顕在化する確率を求める．各農場における殺処分工程を構成する K 個のアクティビティのうち，ある農場においてアクティビティを最早開始時点に開始できない事象がはじめて生起した場合，その時点において地域キャパシティに限界が発生したと認識する．サンプルパス m の時点 $\bar{t}+\varepsilon$ ($\varepsilon=1, 2, \dots$)において殺処分工程のアクティビティが制約条件(5.41)を満足するかどうかを表すダミー変数 $\psi^{\xi(m)}(\bar{t}+\varepsilon)$ を

$$\psi^{\xi(m)}(\bar{t}+\varepsilon) = \begin{cases} 1 & \text{制約条件を1つでも満足しない場合} \\ 0 & \text{それ以外} \end{cases} \quad (5.44)$$

と定義する．この時，時点 $\bar{t}+\varepsilon$ で，地域キャパシティが顕在化する確率 $\theta(\bar{t}+\varepsilon)$ を

$$\theta(\bar{t}+\varepsilon) = \frac{1}{M} \sum_{m=1}^M \psi^{\xi(m)}(\bar{t}+\varepsilon) \quad (5.45)$$

と定義する．救援依頼から救援体制が確立されるまで少なくとも ϕ 日を要すると仮定する．時点 \bar{t} において

$$\sum_{\varepsilon=0}^{\phi} \theta(\bar{t}+\varepsilon) \leq \Theta \quad (5.46)$$

が成立しないことが判明した場合，直ちに上位機関に救援を要請することが必要になると考える．ただし， Θ は許容確率の上限である．以上で定義した救援要請戦略は，口蹄疫の感染システム状態のそれぞれに対して厳密に定義される．しかし，感染システム状態が膨大な量に及ぶため，救援要請ルールとしてその詳細をすべ

て記述することは不可能である．また，口蹄疫が感染拡大しているような危機管理状態において，複雑な救援要請ルールを採用することは現実的ではない．むしろ，簡単な救援要請ルールを事前に設計しておくことが重要である．

5.6.2 救援要請曲線

現実の危機管理においては，口蹄疫感染状態は日々刻々と変化する．救援要請のために式(5.46)を用いて地域キャパシティが健在化する確率を日々計算するのは現実的ではない．意思決定者が救援要請の必要性を簡便に判断できる近似的評価スキームが必要となる．いま，初期時点から時間が経過し，時点 \bar{t} に到達し，その時点までの感染システム状態の観測値ベクトル $\mathbf{S}^{\xi, \bar{t}}$ が得られていると考える．本章の実証分析では，救援要請を判断する近似的評価スキームを，初期時点から当該時点までの累積殺処分対象農場数 $\bar{C}^{\xi}(\bar{t})$ と直近3日において新たに殺処分の対象になった農場数(以下，直近殺処分対象数と呼ぶ) $\bar{L}^{\xi}(\bar{t})$ を用いて構成する．前者は予防的殺処分農場の時間的な累積結果を表す指標であり，後者は直近の変化を表す指標である．殺処分の決定時点を表すダミー変数ベクトル $\bar{\eta}^{\xi}(t) = \{\eta_1^{\xi}(t), \dots, \eta_N^{\xi}(t)\}$ を用いれば，これらの評価指標は

$$\bar{C}^{\xi}(\bar{t}) = \sum_{n=1}^N \sum_{t=1}^{\bar{t}} \eta_n^{\xi}(t) \quad (5.47)$$

$$\bar{L}^{\xi}(\bar{t}) = \sum_{n=1}^N \sum_{t=\max\{0, \bar{t}-1\}}^{\bar{t}} \eta_n^{\xi}(t) \quad (5.48)$$

と定式化できる．ただし，ダミー変数 $\eta_n^{\xi}(t)$ はサンプルパスではなく，実績値に対し定義されている．ここで，2つの評価指標値の組 $(\bar{C}^{\xi}(\bar{t}), \bar{L}^{\xi}(\bar{t})) = (\bar{C}, \bar{L})$ に関して，領域 $\Omega(\Theta)$ を定義する．初期時点から2つの評価指標値 $(\bar{C}^{\xi}(\bar{t}), \bar{L}^{\xi}(\bar{t}))$ を求め，時点 \bar{t} において，はじめてこれら2つの評価指標値が領域 $\Omega(\Theta)$ に含まれることが判明した場合に，直ちに救援要請を行うような近似的評価スキームを考える．

準モンテカルロシミュレーションで発生したサンプルパス m の中で，ある時点 $\bar{t}^{(m)}$ において評価指標 $(\bar{C}^{\xi}(\bar{t}), \bar{L}^{\xi}(\bar{t}))$ の値が (\bar{C}, \bar{L}) と一致するようなサンプルパスの集合を $\Omega(\bar{C}, \bar{L})$ と表す．サンプルパス集合 $\Omega(\bar{C}, \bar{L})$ の要素数を $M(\bar{C}, \bar{L})$ と表す．サンプルパス $m \in \Omega(\bar{C}, \bar{L})$ に対して，式(5.44)を用いて時点 $\bar{t}^{(m)} + \varepsilon$ において，殺処分工程のアクティビティがはじめて制約条件(5.41)を満足しない事象が発生したかどうかを表すダミー

表-5.1 殺処分工程の作業リスト

作業		必要 人員	必要 資源	先行 作業	後続 作業
A	病性診断班の編成	5名	－	－	B
B	病性診断資材の準備		1	A	C
C	病性診断の実施		1	B	D
D	検体送付		1	C	E, H
E	通行遮断		1	D	F
F	当該農場(人・家畜)の隔離と消毒		1	E	G, J
G	農場の事前調査・発生農場事前調査 (埋設地の選定)	3名	－	F	K
H	備蓄防疫資材の確認	－	1	D	L
I	疫学調査の実施	9名	－	F	J
J	農場の通行遮断		1	I	M
K	埋設地の決定		－	G	Q
L	資材調達	12名	1	H	M
M	殺処分準備	93名	1	J, L	N
N	殺処分		1	M	O, P
O	農場消毒		1	－	N, X
P	家畜の評価	4名	－	N	－
Q	埋設の前準備 (埋設予定地周辺住民への説明,埋設人員の確保)	24名	－	K	R
R	埋設 (建設業者等が防疫フェンス設置)		1	Q	S
S	埋設 (掘削(試掘・本掘削))		1	R	T
T	埋設 (家畜搬入・埋設)		1	S	U
U	埋設 (掘削溝埋め戻し)		1	T	V
V	埋設 (埋設地全体の消毒)		1	U	W
W	埋設 (防疫フェンスの撤去)		1	V	Y
X	家畜排泄物不活化		1	D	Y
Y	清浄性確認	130名	1	W, X	－
AA	殺処分と埋設の前後関係を示す ダミー作業	－	－	M	T
合計		280名	19	－	－

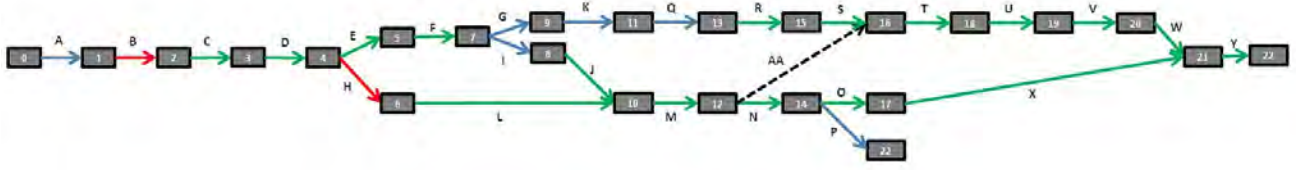


図-5.4 殺処分工程のアローダイアグラム

(ノード内の番号は結合点番号を示し、アクティビティの線の色は、青色が人員、赤色が資材、緑色が人員・資材を必要とするアクティビティを示している.)

変数 $\hat{\psi}^{\xi(m)}(\bar{t}^{(m)} + \varepsilon)$ を定義する. 評価値 (\bar{C}, \bar{L}) が観測された時点から ε 日後に地域キャパシティーが顕在化する確率 $\theta(\bar{C}, \bar{L}, \varepsilon)$ は,

$$\theta(\bar{C}, \bar{L}, \varepsilon) = \frac{1}{M(\bar{C}, \bar{L})} \sum_{m=1}^{M(\bar{C}, \bar{L})} \hat{\psi}^{\xi(m)}(\bar{t}^{(m)} + \varepsilon) \quad (5.49)$$

と定義できる. ここで, 救援要請が出されて救援体制が整うまで ϕ 日要すると考える. その間に, 地域キャパシティー制約が顕在化する確率 $\hat{\theta}(\bar{C}, \bar{L})$ を

$$\hat{\theta}(\bar{C}, \bar{L}) = \sum_{\varepsilon=1}^{\phi} \hat{\theta}(\bar{C}, \bar{L}, \varepsilon) \quad (5.50)$$

と定義する. さらに, 任意の累積殺処分対象農場数 \bar{C} に対して, 臨界的な直近殺処分対象数

$$\bar{L}^*(\bar{C}|\Theta) = \arg \min_{\bar{L}} \{\bar{L} | \hat{\theta}(\bar{C}, \bar{L}) \geq \Theta\} \quad (5.51)$$

を定義する. ただし, Θ は許容確率の上限値, \arg は中括弧内の論理式の最小値を与えるような \bar{L} を指示する記号である. 以下, このように求めた累積殺処分対象農場数 \bar{C} と直近殺処分対象数 $\bar{L}^*(\bar{C}|\Theta)$ の関係を救援要請曲線と呼ぶ. 救援要請が必要となる領域 $\Omega(\Theta)$ は

$$\Omega(\Theta) = \{(\bar{C}, \bar{L}) | \bar{L} \geq \bar{L}^*(\bar{C}|\Theta), \forall \bar{C}\} \quad (5.52)$$

と定式化できる. 初期時点から2つの評価指標値 $(\bar{C}^{\xi}(\bar{t}), \bar{L}^{\xi}(\bar{t}))$ を求め, 時点 \bar{t} において, はじめてこれら2つの評価指標が領域 $\Omega(\Theta)$ に含まれることが判明した場合に, 直ちに救援要請を行うと考える.

5.7 適用事例

5.7.1 適用事例の概要

本章では、2010年に発生した宮崎県における口蹄疫の発生事例⁴⁵⁾のデータを用いて口蹄疫伝染モデルを作成するとともに、期待被害額を可能な限り小さくするような人員・資材配置戦略を求める。本章の問題意識は、口蹄疫の発症が確認される以前の時点に遡り、口蹄疫が発生した場合に備えた望ましい危機管理方策を検討することにある。宮崎県を対象地域としてとりあげるのは、口蹄疫の発生・伝染過程に関するデータが入手可能であり、それに基づいて口蹄疫伝染モデルを推計することが可能であるためである。当然のことながら、(口蹄疫が発生していない)計画策定段階においては、口蹄疫の発生・伝染過程は不確実であり、口蹄疫の発生が確認された場合、空間的伝染による期待被害額を可能な限り小さくするように危機管理計画を策定することが求められる。本章では、2010年の宮崎県口蹄疫による被害データを用いた分析を試みるが、あくまでも思考実験として望ましい口蹄疫伝染抑止方策について検討するものであり、2010年における口蹄疫発生・伝染とそれに対する対応について事後評価することを目的とするものではないことを断わっておく。農林水産省は、口蹄疫の発症農場とその対応実績をHP上に公開しており、口蹄疫に感染した家畜頭数、家畜の種類、感染発覚日、殺処分実施日、ワクチン投入日に関する情報が入手可能である。また、2005年度の宮崎県の農林業センサス(集落別)データを用いて、農場の位置情報に関するデータベースを作成した。ただし、同センサスでは、畜産農家に関する情報を集落単位に集計化しており、各個別の畜産農家に関する情報は入手可能ではない。このため、発症していない農場の位置や家畜頭数、家畜の種類に関する情報が得られない。そこで、口蹄疫に感染していない畜産農家は、全て集落の面積データの重心位置に立地していると仮定する。今回対象とする農場総数は $N = 1044$ である。宮崎県の口蹄疫災害事例では、2010年3月26日に発症が疑われる家畜が確認された。4月20日に疫学検査により、口蹄疫の発症が確認され、同日、最初の患畜および疑似患畜の殺処分が実施された⁴⁵⁾。疑似患畜の発生から口蹄疫の発症が確認されるまで26日間を要している。しかし、その後の関係機関の努力により、口蹄疫の伝染は宮崎県内にほぼとどまり、殺処分・埋却の防疫措置は6月30日に終了した。移動・搬出制限区域は家伝法に基づき順次解除され、7月27日には県内全域での制限区域が解除されている⁴⁵⁾。しかし、

口蹄疫の感染確認から4ヶ月にわたり約28万9千頭の家畜が処分されている。口蹄疫による甚大な被害の発生を機に、宮崎県を始めとする各都道府県は口蹄疫防疫マニュアルを作成し、必要となる資材や実施すべき作業項目を防疫マニュアル内に記載している。表-5.1は、宮崎県口蹄疫防疫マニュアル⁴⁶⁾に基づき、口蹄疫の発生が確認された場合に各農場においてどのような作業が実施されるかについてまとめた作業リストである。なお、口蹄疫災害が発生した当初の対策方針決定権限は県にあり、被害が広範囲に及ぶ可能性が大きくなった際に、国へと意思決定権限が移行する。ただし、国に権限が移行した場合においても、実質的に現場を指示するのは県の役割である。表中の先行作業は各作業に先行して行われる作業を、後続作業は各作業完了後に行われる作業を指している。図-5.4は、表-5.1に基づき構築したアローダイアグラムであり、ノード内の数字はトポロジカルオーダリングを実施することで得られた結合点番号を示している。また、矢印で示されたアクティビティの色は、青色が人員、赤色が資材、緑色が人員・資材両方を必要とするアクティビティを示している。

5.7.2 最適戦略の検討

初期対応準備期間は可能な限り短い方が望ましく、宮崎県が作成して防疫マニュアル⁴⁶⁾に従えば、発症事例が発見され、防疫体制の確立、殺処分の実行までのプロセスが2日間で完了できることが報告されている。このマニュアルでは、関連主体が事前にスタンバイしており、すべての行動が遅延なく実施された理想的な状況を想定している。現実には、すべての関連主体が防疫に関わる意思決定や行動が遅延なく実施することは非常に困難であると考えられる。筆者らのヒアリングの結果に基づいて、検体の輸送時間、事務処理、検査時間を考慮すれば、最低限1週間程度必要であると考えられる。また、救援要請が成されてから救援体制が確立するまで最低限3日程度必要であると判断した。もちろん、理想的な状態で防疫体制が確立されることが望ましいことは論を待たないが、本章では現実的な状況の下での防疫戦略を検討することを目的として、7日間で初期対応準備期間が終了し、救援要請が成されてから救援体制が確立するまでの日数が3日($\phi=3$)であると仮定してシミュレーションを実施することとする。

本章では配分ルールとして、1) 口蹄疫の発症が確認された農場から空間的に近い

農場から優先的に人員・資材を配分する, 2) 口蹄疫の発症が確認された農場から空間的に近く, かつ家畜頭数の多い農場から優先的に人員・資材を配分する, 3) 口蹄疫の発症が確認された農場から空間的に近く, かつ家畜頭数の多い発症農場から優先的に人員・資材を配分する, という戦略を考える. なお, 予防的殺処分の対象範囲は阿部ら³⁶⁾に基づき, 発症農場から5kmの範囲としている. 最適な戦略を検討するにあたり, 後述するベンチマークケースにおいて, 戦略毎に期待被害額を求めたものが図-5.5である. 同図より, 戦略3を採用した場合に期待被害額が最小となり, 3つの戦略の中で最も望ましい戦略であることが理解できる. 以下の分析では, 人員・資材の配分ルールとして, 口蹄疫の発症が確認された農場から空間的に近く, かつ家畜頭数の多い発症農場から優先的に人員・資材を配分する(戦略3)を採用することを前提として議論を進める.

図-5.6は, 最適戦略 $\xi=3$ を適用した場合をとりあげ, 予防的殺処分の実施に遅延が発生した(地域キャパシティが顕在化した)サンプルパスに着目するとともに, 遅延が発生する時点の3日前における累積殺処分対象農場数 $\bar{C}^3(t)$ と直近殺処分対象数 $\bar{L}^3(t)$ の組 $(\bar{C}^3(t), \bar{L}^3(t))$ をプロットした結果を表す. さらに, 図中の実線は遅延が発生する許容確率 Θ を5%に設定した場合の救援要請曲線を示したものである. 図-5.6の黒塗りの部分は直近殺処分対象農場数 $\bar{L}^\xi(\bar{t})$ が累積殺処分対象農場数 $\bar{C}^\xi(\bar{t})$ を上回るといった現実的には起こりえない状況を示している. 同図より, 累積殺処分対象農場数が増加するほど, 利用資源量が地域キャパシティ上限に近付いており, より少ない直近殺処分対象農場数でも遅延が発生する可能性が増加することを意味している.

5.7.3 分析結果の考察

農場における防疫作業フローは, 図-5.4に示した通りであるが, アクティビティパスが合流するノード(結合点番号が10, 16, 並びに21のノード)に先行する作業に関しては, 並行的に殺処分工程が進行している農場の中で, 各農場が置かれている相対的な緊急度の状況により, 殺処分実施の優先順位が異なる. 従って, 人員・資材の不足による作業の停滞が発生するかどうかを作業グループごとに表現することとする. 具体的には, 殺処分工程において, 作業A~作業Lを『ステージ1: 事前準備作業』, 作業M~作業Nを『ステージ2: 殺処分作業』, 作業O~作業Xを『ステージ

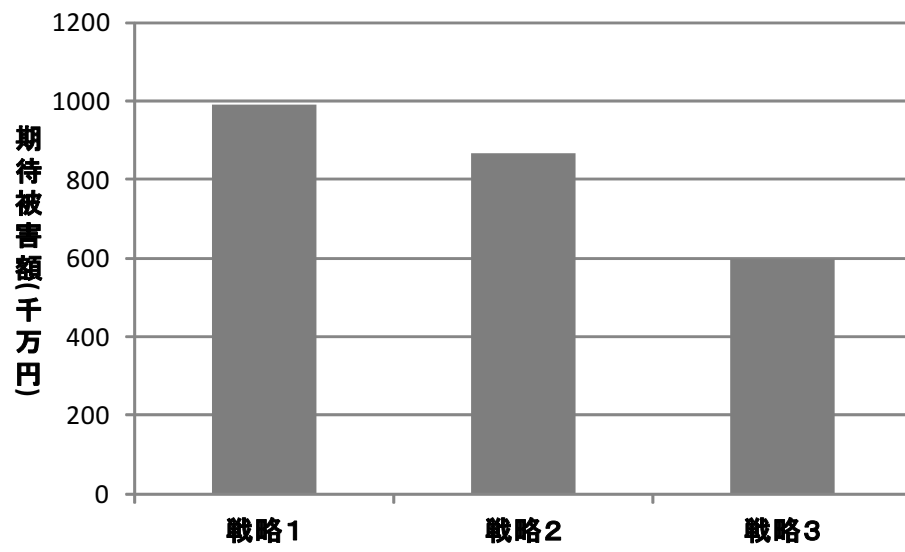


図-5.5 戦略別期待被害額

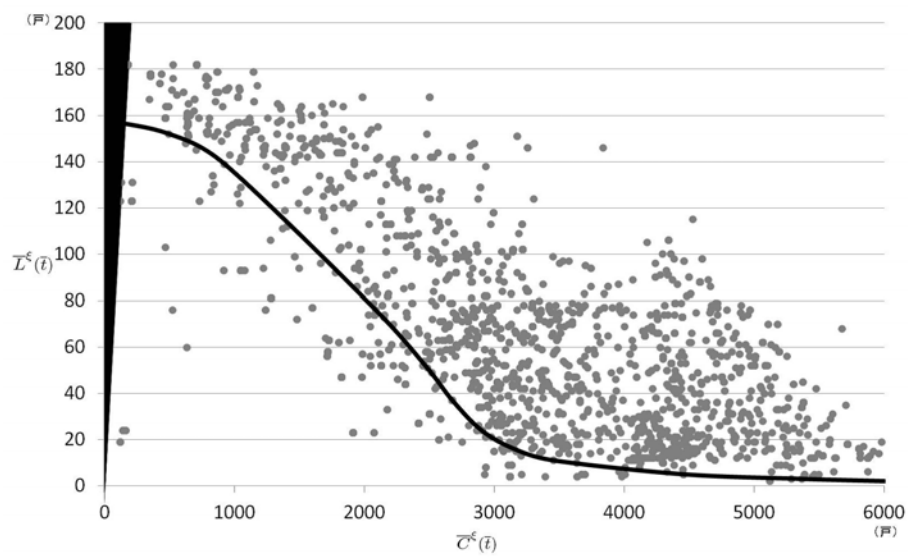


図-5.6 戦略3の救援要請曲線

3:防疫作業』,作業Yを『ステージ4:事後確認作業』という4つのグループに区分する.ここで,作業に必要な人員に関しては,どの作業に関しても単位作業あたり1単位の資源が必要になると考える.ただし,資源の種類に関しては,作業ごとに異なっている.表-5.1に基づいて必要人員を安全側に考慮した上で必要資源量を算出すると,1つの農場において殺処分工程を完了させるために,人員が延280人,資源が19単位必要となる.計画的対応期間においては,口蹄疫の発生が確認された農場においては直ちに予防的殺処分工程が開始される.予防的殺処分の実施に必要な人員・資材が地域キャパシティを超えると,予防的殺処分工程に遅延が生じる.この場合,人員・資材の配分ルールを設けることが必要となる.本章では配分ルールとして,1)口蹄疫の発症が確認された農場から空間的に近い農場から優先的に人員・資材を配分する,2)口蹄疫の発症が確認された農場から空間的に近く,かつ家畜頭数の多い農場から優先的に人員・資材を配分する,3)口蹄疫の発症が確認された農場から空間的に近く,かつ家畜頭数の多い発症農場から優先的に人員・資材を配分する,という戦略を考える.なお,初期対応準備期間は可能な限り短い方が望ましく,宮崎県が作成して防疫マニュアル⁴⁶⁾に従えば,発症事例が発見され,防疫体制の確立,殺処分の実行までのプロセスが2日間で完了できることが報告されている.このマニュアルでは,関連主体が事前にスタンバイしており,すべての行動が遅延なく実施された理想的な状況を想定している.現実には,すべての関連主体が防疫に関わる意思決定や行動を遅延なく実施することは非常に困難であると考え.筆者らのヒアリングの結果に基づいて,検体の輸送時間,事務処理,検査時間を考慮すれば,最低限1週間程度必要であり,救援要請が成されてから救援体制が確立するまで最低限3日程度必要であると判断した.また,口蹄疫被害が発生した自治体が独自で事前に保有していた防疫用資源量を調達可能資源量とし,災害が発生してから当面はその資源を用いて対策を行うこととするつまり,調達可能資源量のみでは対応出来なくなるほど被害が拡大した場合に,救援要請が成され,φ日後に救援が行われることとなる.しかしながら,防疫資源の転用可能性やセットアップ費用等から鑑みて,口蹄疫災害用に事前に備蓄されている(調達可能な)資源量を定量的に見積もることは非常に困難である.そこで,ベンチマークケースとして,7日間で初期対応準備期間が終了し,救援要請が成されてから救援体制が確立するまでの日数φが3日,調達可能資源量を(人員,資材)=(500,50)としてシミュレーションを行った.もちろん,調達可能資源量が多い方が望ましいことは明白

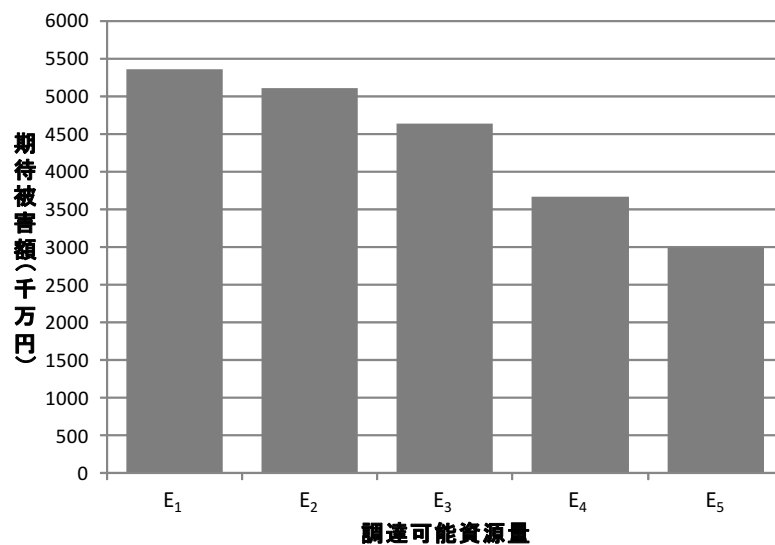


図-5.7 調達可能資源量と期待被害額の関係

(調達可能資源量の表記については本文中に記載。)

であり，調達可能資源量を変化させたケースに対して感度分析を試みる．

口蹄疫の発症が確認された農場から空間的に近く，かつ家畜頭数の多い発症農場から優先的に人員・資材を配分する，という戦略の下に，調達可能資源量と期待被害額の変化に関して感度分析を行った．ここで，調達可能資源量とは，口蹄疫被害が発生した自治体が独自で事前に保有していた防疫用資源量を指し，災害が発生してから当面はその資源を用いて対策を行うこととなる．調達可能資源量のみでは対応出来なくなるほど被害が拡大した場合に，救援要請が成され， ϕ 日後に救援体制が整うこととなる．従って，期待被害額は，調達可能資源量の変化に対して大きく影響を受けると考えられ，調達可能資源量を(人員，資材) = $\{(100, 10), (250, 25), (500, 50), (750, 75), (1000, 100)\} = \{E_1, E_2, E_3, E_4, E_5\}$ として，調達可能資源量の変化に伴い期待被害額がどのように変化するかを示したものが図-5.7である．この図において，期待被害額は，家畜の殺処分のみに依る被害額に自衛隊等への災害支援費用を加算した値となっている．災害支援費用は，宮崎県地域防災計画⁴⁷⁾より，1日120.1千万円掛かるとし，救援要請が出されてから事態が収束するまでの日数分加算されることとした．この図より，ベンチマークケースとしたE₃の場合を境に，期待被害額が大きく減少していることが分かる．従って，ある程度の(ベンチマークケースにおいては，E₃より多くの)調達可能資源量を事前に用意しておく事によ

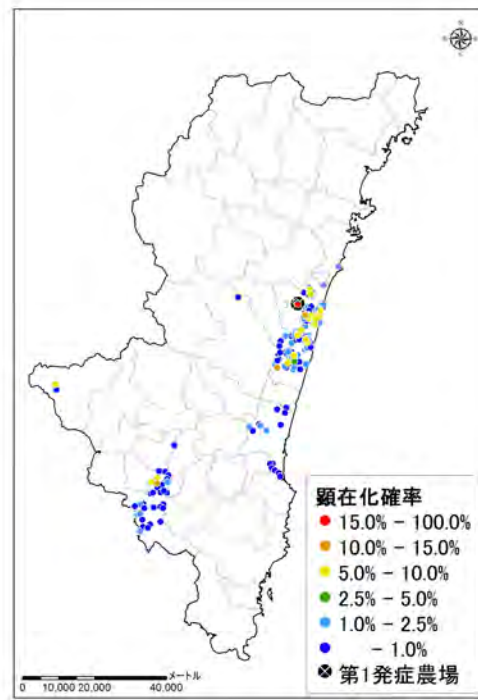


図-5.8 地域キャパシティ顕在化確率の空間分布

り，期待被害額をより低く抑えることが可能であることを示している．なお，以上の議論では，調達可能資源量を常に利用可能な状態に維持するためのセットアップ費用を無視している．口蹄疫という生起頻度の少ない災害に対して，対応に必要な資源を常時維持しておくことは合理的ではない．平常時には，別の目的で活用し，口蹄疫発生時にはその転用を図るのが实际的である．調達可能資源量は，このような資源の転用可能性を考慮して決定されるものであり，その決定に関する検討は本研究の域を越えており今後の課題とする．図-5.8は，各農場において人員・資材不足が顕在化する確率の空間分布であり，

$$\theta_n = \frac{1}{M} \sum_{m=1}^M \sum_{t=0}^T \psi^{\xi(m)}(t) \quad (5.53)$$

と定義される．この図より，地域キャパシティが顕在化する農場は第1発症農場付近において発生する傾向があること，並びに第1発症農場から遠く離れた場所においても密集して発生することが分かる．つまり，初期発症農場が農場密集地域付近で発生した場合は，現場から救援要請が発せられる可能性は高くなると考えられるため，発症位置がどのような地域であるかの情報が，救援資材搬出等の対応の緊

急度の指標になり得る事を示している。また、第1発症農場から遠く離れた農場においても、発症確認初期段階から厳戒態勢を持って防疫作業に当たる事の重要性が示されている。

参考文献

- 1) 加藤昭吉：計画の科学，講談社，1965.
- 2) 森竜雄：PERT，日本能率協会，1969.
- 3) 関根智明：PERT・CPM，日科技連，1985.
- 4) 阿部真育，吉田護，小林潔司，紅谷昇平：口蹄疫の空間伝染モデリング，土木学会論文集D3（土木計画学），Vol.68, No.4, p.369-387, 2012.
- 5) Kermack, W. O. and McKendrick, A. G.: Contributions to the mathematical theory of epidemics I, *Proceedings of the Royal Society*, Vol.115A, pp.700-721, 1927. (reprinted in *Bulletin of Mathematical Biology*, Vol.53, pp.33-55, 1991.)
- 6) Diekmann, O., Heesterbeek, J. A. P. and Metz, J. A. J.: On the definition and the computation of the basic reproduction ratio R_0 in models for infectious diseases in heterogeneous populations, *Journal of Mathematical Biology*, Vol.28, pp.365-382, 1990.
- 7) Dietz, K.: The estimation of the basic reproduction number for infectious diseases, *Statistical Methods in Medical Research*, Vol.2, pp.23-41, 1993.
- 8) Heesterbeek, J. A. P.: A brief history of R_0 and a recipe for its calculation, *Acta Biotheoretica*, Vol.50, pp.189-204, 2002.
- 9) Inaba, H. and Sekine, H.: A mathematical model for Chagas disease with infection-agedependent infectivity, *Mathematical Bioscience*, Vol.190, pp.39-69, 2004.
- 10) May, R. M. and Lloyd, A. L.: Infection dynamics on scale-free network, *Physical Review E*, Vol.64, pp.66-112, 2001.
- 11) Nowak, M. A. and May, R. M.: *Virus Dynamics: Mathematical Principles of Immunology and Virology*, Oxford University Press, Oxford, 2000.

- 12) 西浦博, 稲葉寿: 感染症の流行: 感染症数理モデルにおける定量的課題, 統計数理, Vol.54, No.2, pp.461-480, 2006.
- 13) Anderson, R. M. and May, R. M.: *Infectious Diseases of Humans: Dynamics and Control*, Oxford University Press, 1991.
- 14) Diekmann, O. and Heesterbeek, J. A. P.: *Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases: Model Building, Analysis and Interpretation*, John Wiley and Sons, 2000.
- 15) Thieme, H. R.: *Mathematics in Population Biology*, Princeton University Press, 2003, ホルスト・R・ティーム: 生物集団の数学(上) 人口学, 生態学, 疫学へのアプローチ, 日本評論社, 2006.
- 16) 稲葉寿 (編著): 感染症の数理モデル, 培風館, 2008.
- 17) Ohkusa, Y. and Sugawara, T.: Simulation model of pandemic influenza in the whole of Japan, *Japan Journal of Infection Diseases*, Vol.62, pp.98-106, 2009.
- 18) Halloran, M. M., Longini, I. M., Cowart, D. M. and Nizam, A.: Community interventions and the epidemic prevention potential, *Vaccine*, Vol.20, pp.3254-3262, 2002.
- 19) Gomes, M. G., White, L. J. and Medley, G. F.: Infection, reinfection, and vaccination under sub-optimal immune protection: epidemiological perspectives, *Journal of Theoretical Biology*, Vol.228, Issue 4, pp.539-549, 2004.
- 20) Breban, R. and Blower, S.: Letter to Editor: The reinfection threshold does not exist, *Journal of Theoretical Biology*, Vol.235, pp.151-152, 2005.
- 21) Gomes, M. G., White, L. J. and Medley, G.F.: The reflection threshold, *Journal of Theoretical Biology*, Vol.236, Issue 1, pp.111-113, 2005.
- 22) Kermack, W. O. and Mckendrick, A. G.: Contributions to the mathematical theory of epidemics. II. The problem of endemicity, *Proceedings of the Royal Society*, Vol.138A, pp.55-83, 1932.
- 23) Kermack, W. O. and Mckendrick, A. G.: Contributions to the mathematical theory of epidemics. III. Further studies of the problem, *Proceedings of the Royal Society*, Vol.141A, pp.94-122, 1933.

- 24) Inada, H.: Kermack and McKendrick revisited: The variable susceptibility model for infectious diseases, *Japan Journal of Industrial and Applied Mathematics*, Vol.18, No.2, pp.273-292, 2001.
- 25) Kendall, D. G.: Mathematical models of the spread of infection, *Mathematics of Computer Science in Biology and Medicine*, pp.213-225, Medical Research Council, 1965.
- 26) Diekmann, O.: Run for your life. A note on the asymptotic speed of propagation of an epidemic, *Journal of Differential Equations*, Vol.33, Issue 1, pp.58-73, 1979.
- 27) Källén, A.: Thresholds and travelling waves in an epidemic model for rabies, *Nonlinear Analysis*, TMA, Vol.8, pp.851-856, 1984.
- 28) Langer, W. L.: *The Black Death*, Scientific American, Vol.210, No.2, 1964.
- 29) Noble, J. V.: Geographic and temporal development of plagues, *Nature*, Vol.250, No.5469, pp.726-772, 1974.
- 30) Elveback, L.R., Fox, J.P., Ackerman, E., Langworthy, A., Boyd, M. and Gatewood, L.: An influenza simulation model for immunization studies, *American Journal of Epidemiology*, Vol.103, pp.152-165, 1976.
- 31) Haber, M. J., Shay, D. K., Davis, X. M., Patel, R., Jin, X., Weintraub, E., Orenstein, E. and Thompson, W. W.: Effectiveness of interventions to reduce contact rates during a simulated influenza pandemic, *Emerging Infectious Diseases Journal*, Vol.13, pp.581-589, 2007.
- 32) Yasuda, H., Yoshizawa, N., Kimura, M., Shigematsu, M., Kawachi, S., Oshima, M., Yamamoto, K. and Suzuki, K.: Preparedness for the spread of influenza: prohibition of traffic, school closure, and vaccination of children in the commuter towns of Tokyo, *Journal of Urban Health*, Vol.85, No.4, pp.619-35, 2008.
- 33) Cox, J. T. and Durrett, R.: Limit theorems for the spread of epidemics and forest fires, *Stochastic Processes and their Applications*, Vol.30, pp.171-191, 1988.
- 34) Keeling, M. J., Woolhouse, M. E. J., Shaw, D. J., Louise Matthews, L., Chase-Topping, M., Haydon, D. T., Cornell, S. J., Kappey, J., Wilesmith, J. and Grenfell, B. T.: Dynamics of the 2001 UK foot and mouth epidemic: Stochastic dispersal in a heterogeneous landscape, *Science*, Vol.294, No.5543, pp.813-817, 2001.

- 35) Grassberger, P.: On the critical behavior of the general epidemic process and dynamical percolation, *Mathematical Biosciences*, Vol.63, Issue 2, pp.157-172, 1983.
- 36) 阿部真育, 小林潔司: 口蹄疫の最適伝染リスク抑止モデル, 土木学会論文集D3(土木計画学) 投稿中.
- 37) Eliyahu, M. G.: *Critical Chain*, North River Press, 1997, エリヤフ・ゴールドラット: クリティカルチェーン, ダイヤモンド社, 2003.
- 38) 稲垣公夫: TOC クリティカル・チェーン革命, 日本能率協会マネジメントセンター, 1998.
- 39) 杉原弘章, 小泉寿男, 片岡信弘, 高原照明: リソース競合問題を考慮したジョブショップスケジューリング方式の提案とその実証, 情報処理学会研究報告, 情報システムと社会環境, Vol.71, No.1, pp.1-6, 1999.
- 40) 三井浩康, 杉原弘章, 小泉寿男: 遠隔実験を含むWeb型遠隔授業のスケジューリング方式, 情報処理学会論文誌, Vol.46, No.1, pp.279-288, 2005.
- 41) 杉原弘章: マルチPERT, 静岡学術出版, 2008.
- 42) Christiane, L.: *Monte Carlo and Quasi-Monte Carlo Sampling*, Springer, 2008.
- 43) Niederreiter, H.: *Random Number Generation and Quasi-Monte Carlo Methods*, Society for Industrial and Applied Mathematics, 1992.
- 44) 田村勉, 白川浩: 一般化Faure列による準乱数とそのオプション評価への応用, *JAFEE Journal*, pp.95-111, 1999.
- 45) 宮崎県口蹄疫対策検証委員: 2010年に宮崎県で発生した口蹄疫の対策に関する調査報告書, 2011.
- 46) 宮崎県口蹄疫対策本部: 宮崎県口蹄疫防疫マニュアル, 2011.
- 47) 宮崎県: 宮崎県地域防災計画, 2012

第6章 結論

6.1 本研究の成果

本研究では主として家畜間の伝染が問題となる口蹄疫を対象としており、伝染抑止戦略を用いた空間的伝染の抑止方法について分析を試みた。

第1章では、感染症に対して世界各国がどのような共通理念を持って対策しているかを整理し、本研究で対象としている口蹄疫の現状のリスクマネジメント方針について述べた。その上で、土木計画学分野が感染症リスクに着目する事の重要性について述べた。

第2章では、口蹄疫を対象の感染症とした上で、口蹄疫に対する国内外の防疫計画の現状とその問題点を述べ、その問題点を解決する上で本研究がどのような位置づけとなっているかについて述べた。

第3章では、口蹄疫の空間伝染リスクを評価することを目的として、口蹄疫の空間感染・伝染過程をマルコフ連鎖過程としてモデル化するとともに、現実の口蹄疫の感染・伝染過程に関する観測結果から、口蹄疫の空間伝染モデルを推計するための方法論を提案した。その際、口蹄疫の感染・伝染過程に関する観測データは、1) 潜伏期間における感染可能性、2) 予防的殺処分等の人為的政策による影響が含まれるため、地域における家畜の感染状態を完全には把握できないという問題が発生することを指摘した。その上で、このような口蹄疫の感染・伝染過程の部分的観測可能性を明示的に考慮した空間伝染モデルの推計方法を提案した。さらに、本研究で提案した空間伝染モデルとその推計方法を、2010年に発生した宮崎県における口蹄疫災害に適用することにより、本研究で提案した方法論の有効性を検証した。

第4章では、口蹄疫の発生による期待被害額の低減という災害リスクのマネジメントに資することを目的として、口蹄疫の空間的な発生・伝染過程を非定常マルコフ連鎖モデルとして定式化するとともに、家畜の殺処分による期待被害額の発生を可能な限り最小に抑止することを目的とした最適感染リスク抑止モデルを提案した。このモデルの成果により、リングワクチネーションといった予防的殺処分に繋がる政策の妥当性検討や殺処分キャパシティ対策といった、口蹄疫発生時のリスクの

可視化を可能とした。

第5章では、口蹄疫の発生による期待被害額の発生という災害リスクのマネジメントに資することを目的として、家畜の殺処分による期待被害額の発生を可能な限り小さく抑止することを目的としたマルコフネットワークモデルを提案した。マルコフネットワークモデルは、口蹄疫伝染抑止のために実施される個別農場の殺処分工程を記述する殺処分工程モデル、地域全体における殺処分工程ネットワークの動学的変化を表現する口蹄疫伝染モデル、地域政府における意思決定者の立場から、口蹄疫の感染・拡大を抑止するための望ましい人員・資材の配分・運用戦略や上位政府(国)に対する救援依頼を実施する最適タイミングを分析する危機管理モデルで構成される。さらに、適用事例を通じて、その有効性について実証的分析を試みた。このモデルの成果により、ある防疫政策を実施した際にどのような作業項目がボトルネックとなり得るかを定量的に示す事が可能となり、各自治体において導入可能な防疫資源を保持しておく事の重要性に関しても示唆する事ができ、事前に行政と住民間で協議されておくべき事象をより具体的に取り扱える方法論を提示できるようになったといえる。

6.2 今後の展望と課題

伝染性疾病によるパンデミックリスクの発生やその制御方策に関する研究は緒についたばかりであり、今後に多くの研究課題が残されている。以下では、本研究で検討した感染症リスクマネジメントモデルの、今後の展望、並びに課題について述べる。

本研究では、感染症リスクの内、主に家畜が感染対象となる口蹄疫のみに注目した。しかし、口蹄疫に焦点を絞っても以下のような研究課題が残されている。

第1に、伝染性疾患の空間的伝染によるパンデミックリスクのマネジメントにおいては、対象とする伝染性疾患の特性により多様な特徴が見いだせる。とりわけ、対象とする伝染性疾患の重大性、伝染パターン、潜伏期間の長短により、伝染性疾患の空間的伝染過程のプロセスは多様に異なる。さらに、空間的伝染リスクの拡大を抑止するために実施可能な戦略集合が多様に異なり、それぞれの疾病の大量伝染とその抑止可能性に応じてパンデミックリスクのマネジメント方策が異なる。つまり、疾病ごとのリスクマネジメントモデルの調整が必ず必要であり、絶対的な

モデル構築は現実的には困難と言える。しかしながら、感染する対象については動物の種類によりカテゴライズを行う事が可能と考えられ、あらゆる動物に対して”One World, One Health¹⁾”といった倫理的観念に則った世界的な防疫方針が掲げられている事からも鑑みて、ある同一種の生物を対象としてリスクマネジメントモデルを構築すれば、そのモデル構造を動物種別ごとにマイナーチェンジする事によって、その他の種のリスクマネジメントに適用するといった考え方も今後可能となると考えられる。

第2に、本研究では口蹄疫の発生期間中、対象地域内における家畜の移動禁止措置が図られていることを前提とした。家畜の移動が許容されているような状況下では、家畜の移動可能性や接触ポテンシャルを考慮にいたした伝染過程のモデル化が必要となる。このモデル拡張により、主に日本で見られる農場単位での畜産形態だけではなく、主に海外で見られる完全自然放牧の畜産形態にまで空間伝染モデルの適用が可能になると考えられる。

第3に、口蹄疫災害リスクが顕在化した場合に、甚大かつ不可逆な損害をもたらす。とりわけ、口蹄疫の感染過程においては、迅速に初期対応を実施することが課題となるが、そのためには防疫対策を日常的にセットアップしておく必要がある。しかし、防疫システムはセットアップ費用を必要とするが、平常時には便益を生み出さない。平常時には防疫システムを他の目的に使用するとともに、災害発生時には直ちにシステムを起動することができるようなセットアップ戦略について考察することが必要である。本研究における成果により、セットアップ戦略の必要性を行政と住民間で共有化する上で、重要な情報の一部を提供できるようになったと考えられるが、今後様々な事例を対象とすることにより、モデルの精緻化と信頼性向上を行っていく必要がある。

第4に、口蹄疫の伝染・拡大抑止方策を実践していく際には、当該地域が潜在的に抱える口蹄疫リスクに関する情報を利害関係者の間で共有化する必要がある。各自治体は適切な情報公開を通じて、利害関係者間の協力体制を構築する必要がある。しかしながら、バイオテロ等の場合が顕著であるが、感染症に関する情報公開の適切性を規定する事は非常に困難と言え、情報開示を含めた抑止計画の実施方策に関して検討する必要がある。

また、本研究では主として家畜間の感染が問題となる口蹄疫を対象としており、予防的殺処分戦略を用いた空間感染の抑止方法について分析を試みた。しかしな

がら，経済的な影響や毎年国立感染症研究所等から発表されるインフルエンザ流行予測等の情報が多数存在している事から，鳥インフルエンザ，SARS等，人的な感染が問題となるような伝染性疾病へもモデルを拡張する必要があると考えられる．人への感染可能性が高い感染症を検討する際は，本研究で前提条件として想定した移動禁止（たとえば，公共施設や交通機関サービスの停止）という施策を行使することに多くの困難が伴うことが予想される²⁾．とは言え，前述したようなヒトも感染可能な疾病の場合，非感染者の移動による伝染性疾患の伝染可能性をモデル化することが極めて重要な研究課題となり，人々の移動に関わる防疫政策の検討，並びに関連ステークホルダー間の合意形成手法の確立が必要と考えられる．

参考文献

- 1) Dehove, A.: One World, One Health, *Transboundary and Emerging Diseases*, Vol.57, Issue 1-2, pp.3-6, 2010.
- 2) Yasuda, H., Yoshizawa, N., Kimura, M., Shigematsu, M., Matsumoto, M., Kawachi, S., Oshima, Masamichi., Yamamoto, K. and Suzuki, K.: Preparedness for the spread of influenza: prohibition of traffic, school closure, and vaccination of children in the commuter towns of Tokyo, *Journal of Urban Health*, Vol.85(4), pp.619-35, 2008.

謝 辞

本論文を結ぶにあたり、本研究の遂行に際して、御多忙のなか本研究に関する基礎的な素養を懇切丁寧に御教授いただき、関係する既存研究の御指導から本研究のモデル形成の道標を示していただきました京都大学経営管理大学院の小林潔司教授に心より感謝申し上げます。

京都大学大学院工学研究科の松島格也准教授、大西正光助教、鄭蝦榮特定助教には、本研究の遂行に際し、適切な御指導と御助言をいただくとともに、論文作成に取り組む姿勢を学ばしていただきました。心より感謝の意を表します。また、秘書の藤本彩氏には、研究活動を進めていく上での多くの事務手続きを手伝って頂きました。ここに厚く御礼申し上げます。

京都大学大学院工学研究科の谷口栄一教授、中川大教授には、本論文のとりまとめに関して適切な御指導と御助言をいただきました。ここに深く感謝いたします。

熊本大学大学院自然科学研究科の吉田護特任准教授には、本研究の遂行における特段の御指導と御助言をいただくとともに、国際学会参加の際の旅費の補助から個人的な相談まで公私共に多大な支援をいただきました。心より深く感謝する次第であります。

宮崎大学産業動物防疫リサーチセンター防疫戦略部門の末吉益雄教授、上村涼子助教には、タイでの国際学会時には多くの関係者のご紹介をしていただき、宮崎県での市民公開講座では講演の経験もさせていただくなど、獣医学分野とは無縁であった小生に対して様々な配慮をしていただきました。心より深く感謝する次第であります。

株式会社パスコの青木一也氏には、京都大学で研究を行えるという貴重な機会を与えていただき、自身の至らぬ点に対して、時に厳しく時に優しく御指導いただきました。ここに厚く御礼申し上げます。さらには、京都大学への国内留学に向けて、多大なるご指導とご支援を頂いた、島村秀樹氏、安住修二氏、草野栄治氏、木村一夫氏、伊藤淳一氏、他関係者一同に深く感謝いたします。

そして、京都大学工学研究科都市社会工学専攻計画マネジメント論の研究室の諸兄並びに卒業生、特に尾木健士郎氏、福井浩氏、松村泰典氏には、公私ともに多大な叱咤激励を頂き、彼らからの刺激により自身の見聞を広げる事が出来ました。

将来彼らに胸を張って再会出来るように，今後とも引き続き精進していきたいと心に誓う次第であります．また，幸いにも同時期の学位授与となりました，李茜氏，Nguyen Trong Hiep氏，瀬木俊輔氏からは，常に真摯な態度を持って研究に立ち向かうことの素晴らしさを学び，また彼らの精力的な日々の活動のおかげで私自身も大いに活力を得る事が出来ました．今後とも彼らから受けたエネルギーを絶やさぬように日々精進していきたいと思うと共に，彼らの将来の成功を祈って止まない気持ちであります．

本稿をまとめるにあたり，その他様々な方のお力添えをいただきました．ここに深く感謝する次第であります．特に，妻である阿部亜矢子氏からは，自身の都合による単身赴任のために多大な不便を強いたにもかかわらず，終始寛大なご支援を頂きました．ここに厚く御礼申し上げますとともに，今後とも温かい目で見守っていただければ幸いであると思う次第であります．

最後に，いついかなる時においても，何も言わずに筆者を支えてくださった父と母に，心より深く感謝申し上げます．